



<p>(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ :</p> <p>C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10</p>	A2	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54461</p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)</p>		
<table style="width: 100%; border: none;"> <tr> <td style="width: 50%; vertical-align: top; padding: 5px;"> <p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01174</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p> </td> <td style="width: 50%; vertical-align: top; padding: 5px;"> <p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p> </td> </tr> </table>			<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01174</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>	<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01174</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>	<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p>			
<p>(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF ENDOMETRIUM TUMOUR TISSUE</p> <p>(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS ENDOMETRIUMTUMORGEWEBE</p> <p>(57) Abstract</p> <p>The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of endometrium tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.</p> <p>(57) Zusammenfassung</p> <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>				

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine Krebstodesursachen bei Frauen ist der Endometriumtumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Endometriumtumor eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
 - 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
 - oder
 - 25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-126 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, die im Endometriumtumor erhöht exprimiert sind.

40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 hybridisieren.

45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein

bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, 10 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu 15 verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den 35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. ORF 561-575, 577-625, 630-635 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis

Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen
- 10 hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer
- 15 eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
10	Contig =	eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
	Singleton=	ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
15	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
20	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
30	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 136 gefunden, die 15,6 .x stärker im Endometriumtumor als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.3166	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0281	0.2774	3.6055
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0118	0.0123	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0026		0.0000		undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000		0.0165		0.0000	undef
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0077		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0015		0.0021		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0021		0.0020		1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0193		0.0077		2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0213					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0041					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0167					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0759			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
	Gehirn	0.0133	0.0164	0.8100	1.2346
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0197	0.0164	1.2066	0.8288
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1904	5.2530
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0240	0.0267	0.8985	1.1129
	Prostata	0.0044	0.0192	0.2275	4.3961
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0272	0.8417	1.1881
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0245			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0551			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0181			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0092	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0100	1.8679	0.5354
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917	1.6901
	Gehirn	0.0067	0.0205	0.3240	3.0866
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0102	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1114			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0256	0.3051	3.2777
	Brust	0.0090	0.0113	0.7939	1.2595
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0050	5.0944	0.1963
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0194	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0096	0.0041	2.3399	0.4274
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0330	0.2542	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duenndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
35							
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397	0.1984
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0412	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
20	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0170	0.3839	2.6051
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Brust	0.0064		0.0019		3.4026	0.2939
	Duenndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0025		2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0118		0.0031		3.8398	0.2604
	Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0020		0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0109		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0044		0.0085		0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
35		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0377					
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0111					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0194					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0080					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0680
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0479	0.1699	5.8845
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0118	0.0041	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0275	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0187	0.0164	1.1431	0.8748
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0301			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0102	0.0226	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0164	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0402			
	Gastrointestinal	0.0610			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0051		0.7627	1.3111
	Brust	0.0013		0.0094		0.1361	7.3472
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0030		0.0026		1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0100		0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0134		0.0093		1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0052		0.0062		0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0053		0.0412		0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058		0.0117		0.4920	2.0326
	Lunge	0.0052		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069		0.0060		1.1422	0.8755
	Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017		0.0221		0.0748	13.3713
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0087		0.0085		1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152		0.0204		0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
40	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
50	Placenta	0.0182					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
60	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0000					
65	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0013		0.0000		undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0015		0.0010		1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0060		0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0125		0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0044		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0021		1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
35							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0040					
65	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
	Gehirn	0.0103	0.0113	0.9163	1.0913
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0145	0.0123	1.1854	0.8436
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefasse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0185	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0007		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
40	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
50	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
60	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
65	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duenndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0072	0.6171	1.6205
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0207	0.5568	1.7960
	Duenndarm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0240	0.0260	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900	1.4494
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0180	0.0275	0.6553	1.5260
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0426			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0211			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0056	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

50

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
60	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0230	0.0046	4.9700	0.2012
	Gehirn	0.0096	0.0082	1.1699	0.8547
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
25	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0628			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0137	1.7843	0.5604
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0188	0.2042	4.8982
	Duennndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0125	1.0868	0.9201
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0307	0.0275	1.1179	0.8945
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0286	0.1452	6.8893
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0110	1.0470	0.9551
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0019		0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0230		0.0000	undef
	Brust	0.0051		0.0056		0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0215		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0060		0.0182		0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0728		0.0185		3.9346	0.2542
	Gehirn	0.0000		0.0010		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0048		0.0259		0.1838	5.4400
15	Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0173		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0114		0.0061		1.8628	0.5368
	Magen-Speiseroehre	0.0387		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0081		0.0068		1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033		0.0055		0.5983	1.6714
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0065		0.0106		0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0083					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0072					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0608					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0047					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0059	0.0051	1.1519	0.8681
	Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940	2.0241
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointental	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0150	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0208	0.4317	2.3163
10	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0268	0.0231	1.1597	0.8623
	Gehirn	0.0081	0.0123	0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0554	0.5512	1.8143
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
70	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0149	0.2925	3.4192
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0013		0.0000		undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000		0.0165		0.0000	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0075		0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0022		0.0010		2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0115		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0010		0.0020		0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0044		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0136		0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
30	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
40	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.2513					
	Hepatisch	0.0000					
45	Herz-Blutgefuesse	0.0107					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
50	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
60	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0000					
65	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0154					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0208					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0030		0.0026		1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0330		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef
	Penis	0.0000		0.0533		0.0000	undef
	Prostata	0.0022		0.0021		1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
60	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0025		2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0022		0.0010		2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0052		0.0020		2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
35							
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Duendarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0022		0.0021		1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0041		0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0060		0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0231					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0050					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0125					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0164	0.1905	5.2490
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077		0.5085	1.9666
	Brust	0.0128	0.0000		undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0165		0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0060	0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050		1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046		0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0051		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0137		0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041		1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043		0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055		0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128				
	Prostata-Hyperplasie	0.0089				
	Samenblase	0.0000				
30	Sinnesorgane	0.0118				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
	Zervix	0.0106				
35	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0139				
	Gastrointestinal	0.0056				
	Gehirn	0.0000				
40	Haematopoetisch	0.0039				
	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0000				
	Herz-Blutgefuesse	0.0000				
	Lunge	0.0036				
45	Nebenniere	0.0000				
	Niere	0.0000				
	Placenta	0.0061				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000				
55	Eierstock_n	0.0000				
	Eierstock_t	0.0051				
	Endokrines_Gewebe	0.0245				
	Foetal	0.0076				
	Gastrointestinal	0.0000				
60	Haematopoetisch	0.0228				
	Haut-Muskel	0.0227				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0060				
65	Prostata	0.0068				
	Sinnesorgane	0.0155				
	Uterus_n	0.0083				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0128	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0234		0.0230		1.0170	0.9833
	Brust	0.0269		0.0207		1.2992	0.7697
	Duennndarm	0.0061		0.0662		0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150		0.0572		0.2616	3.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0085		0.0100		0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0134		0.0463		0.2899	3.4492
	Gehirn	0.0015		0.0092		0.1600	6.2504
	Haematopoetisch	0.0094		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0551		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143		0.0388		0.3676	2.7200
15	Herz	0.0085		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0117		0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073		0.0286		0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0966		0.0077		12.6053	0.0793
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef
20	Niere	0.0054		0.0068		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050		0.0055		0.8974	1.1143
	Penis	0.0329		0.1600		0.2059	4.8565
	Prostata	0.0087		0.0043		2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0532					
35							
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0417					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0146					
	Gastrointestinal	0.0366					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0573					
	Nerven	0.0040					
65	Prostata	0.0205					
	Sinnesorgane	0.0077					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0486	0.6423	1.5569
	Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532	0.0575	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
15	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
	Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
	Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
20	Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
	Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
	Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0783			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0051		0.7627	1.3111
	Brust	0.0013		0.0019		0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0046		0.0000	undef
	Gehirn	0.0000		0.0010		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0041		0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
60	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
65	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0092	0.8000	1.2501
	Haematopoetisch	0.0080	0.0758	0.1059	9.4460
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
20	Lunge	0.0114	0.0164	0.6985	1.4315
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
25	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duenndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0051					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0176	0.5822	1.7176
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
20	Niere	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0149	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.2111	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0383	0.7119	1.4047
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
	Duenndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0312	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0201	1.4434	0.6928
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0298	0.4469	2.2378
	Haematopoetisch	0.0281	0.0379	0.7411	1.3494
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0381	0.0259	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0191	0.1512	0.1262	7.9265
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0668	0.0420	1.5909	0.6286
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0066	0.0331	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.1600	0.0936	10.6842
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0204	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1240			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0383	1.0170	0.9833
	Brust	0.0102	0.0301	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0351	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0148	0.0226	0.6545	1.5279
	Haematopoetisch	0.0227	0.2273	0.1000	10.0016
	Haut	0.0367	0.1695	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0445	0.0687	0.6476	1.5441
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0291	0.0470	0.6185	1.6169
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0153	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0840	0.8159	1.2257
20	Niere	0.0244	0.0685	0.3569	2.8022
	Pankreas	0.0116	0.0607	0.1904	5.2530
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.6332	0.0213	46.8633
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0867			
	Zervix	0.0639			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0464			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 141

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0064		0.0150		0.4253	2.3511
	Duennndarm	0.0000		0.0496		0.0000	undef
	Eierstock	0.0060		0.0026		2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0050		1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096		0.0046		2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0052		0.0051		1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0040		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0083		0.0061		1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0033		0.0055		0.5983	1.6714
	Penis	0.0120		0.0267		0.4493	2.2259
	Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.1055		0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0139					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0082					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0154					
	Lunge	0.0082					
75	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Legende zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)

PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

5 TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	unbekannt		1046	2p24-2p21	D2S174-D2S390
2	erhöht	Mouse mammary tumor virus proviral envelope gene Polymerase protein	2x "CSD"	373		
3	erhöht	Homolog zu Human protein kinase C-binding protein RACK17		1571	1q32.1	D1S477-D1S504
4	erhöht	Homolog zu Human mRNA for KIAA0079		1789	10q21.3-q22.2	D10S537-D10S218
5	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T23B12	"BTB"	2361		
6	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid C01A2		1638	20q13.32-q13.33	D20S100-D20S173
7	erhöht	unbekannt		1034	12q12	D12S1589-D12S85
8	erhöht	unbekannt		947	17p11.2-p12	AFMa126yd5
9	erhöht	unbekannt		497		
10	erhöht	unbekannt		269		
11	erhöht	unbekannt		1717		
12	erhöht	unbekannt	"zf-C3HC4"	1419		
13	erhöht	unbekannt		671	2q37.3	D2S2704
14	erhöht	unbekannt		524		
15	erhöht	unbekannt		345		
16	erhöht	rGSTK1-1=glutathione S-transferase subunit 13		1060	7q33-7q36.1	WI-9353
17	erhöht	Rattus norvegicus neuritin		1721	6p23-p25.1	D6S1617-D6S1674
18	erhöht	Rattus norvegicus cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase	"isodh"	2367	2q34	WI-1247
19	erhöht	Rat unr mRNA for unr protein with unknown function	2x "CSD"	1321	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
20	erhöht	Rat prostatic binding protein polypeptide c1		384		
21	erhöht	Rat GTP-binding protein (ral B)		367		
22	erhöht	R.norvegicus mRNA for TRAP-complex gamma subunit		2621	3q24-q25.2	D3S1570
23	erhöht	P.sativum mRNA for Cop1 protein	2x "G-beta"	2019	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
24	erhöht	P.falciptarum pfmdr1 gene		1866	18q12.1-q12.3	AFM164ya9
25	erhöht	ORF 5' of ECLF2...ECRF3=G protein-coupled receptor homolog		1189		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
26	erhöht	O. cuniculus lambda-crystallin mRNA	"3HCDH"	1418		
27	erhöht	Mus musculus flotillin		814		
28	erhöht	Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase		3039	10q25.1-q25.2	D10S1465
29	erhöht	Mouse clathrin-associated protein (AP47)	"Adap_comp_sub"	1448		
30	erhöht	Lycopersicon esculentum biotin-containing subunit of methylcrotonyl-CoA carboxylase	"CPSase_L_chain", "biotin_req_enzy"	1394		
31	erhöht	Leucine aminopeptidase, bovine	"Peptidase_M17"	734		
32	erhöht	Klebsiella pneumoniae possible RNA helicase (dead)	2x "DEAD"	692		
33	erhöht	Human mammaglobin Homolog	"Uteroglobin"	517		
34	erhöht	Human DNA sequence from PAC 138A5 on chromosome X		322		
35	erhöht	Human DNA sequence from clone 230G1		1559		
36	erhöht	Human DNA sequence from clone 217C2		1072		
37	erhöht	Human Cosmid Clone 26a1	"RhoGAP"	454	22.q11.21-q11.23	D22S420-D22S446
38	erhöht	Homolog zu Human chromosome 3p21.1 gene sequence		700	3p21.1	
39	erhöht	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid f21246		914		
40	erhöht	H.sapiens mRNA for Ptg-1 protein		1669	17q21.31-q21.33	D17S791-D17S797
41	erhöht	H.sapiens CpG island DNA genomic Mse1 fragment		355		
42	erhöht	H.sapiens (TL5) mRNA from LNCaP cell line		2628	3q24	D3S3413
43	erhöht	Genomic sequence from Human 9q34		2535	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
44	erhöht	Drosophila melanogaster misato gene	"MYB_3"	805	1q21.2	D1S305-D1S506
45	erhöht	Chicken mRNA for vitellogenin I		1279		
46	erhöht	Caenorhabditis elegans DNA from clone F31D4		1923		
47	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		706		
48	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		749		
49	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK596		857	10q26.13	D10S212
50	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T26A5		268		
51	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T21G5		297		
52	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F56D5		590		
53	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F25D7		1714		
54	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F08C6		1340		
55	erhöht	C.botulinum bont (partial) and ntth genes		765	3q24-q23	D3S3409

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
56	erhöht	Bovine mRNA fragment for 49 kDa subunit of mitochondrial NADH:ubiquinone oxidoreductase (EC 1.6.5.3)	"complex1_4 9Kd"	1647		
57	erhöht	Bos taurus (clone pTKD7) dopamine and cyclic AMP-regulated neuronal phosphoprotein (DARPP-32)		1166		
58	erhöht	A.thaliana mRNA for RNA helicase		487		
59	erhöht	A. thaliana glycine-rich protein {clone atGRP-4}		1630	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
60	erhöht	Saccharomyces cerevisiae Grd19p (GRD19)	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1272	6q21	AFMa191wd1
61	erhöht	Saccharomyces cerevisiae chromosome XII cosmid 9328	2x "DEAD"; "helicase_C"	1914	7p12.3-p13	D7S667-D7S2427
62	erhöht	S.pombe chromosome I cosmid c13D6		608		
63		Rattus norvegicus RNA helicase with arginine-serine-rich domain		2674	17q21.31-q22	D17S797-D17S788
64		Rattus norvegicus matrilysin (MMP-7) mRNA		326		
65		Rattus norvegicus Diphor-1	2x "PDZ"	888	1q12	D1S2669-D1S498
66		Human herpesvirus-7 (HHV7) J1, G protein-coupled receptor (GCR)		202		
67		Homolog zu Human synapsin I (SYN1)		1225	1p22.3-p31.1	WI-3099
68		Homolog zu Human PAX3 gene		1093		
69		Homolog zu Human multiple exostosis 2 (EXT2)		309	1p21.3-p22.1	D1S2166
70		Homolog zu Homo sapiens integrin variant beta4E (ITGB4)		380		
71		Homolog zu Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor		1253		
72		Homolog zu H;sapiens mRNA for deoxyguanosine kinase		439		
73		Caenorhabditis elegans cosmid Y48E1B		1252	4p11-q12	D4S1619-D4S1600
74		Caenorhabditis elegans cosmid T21D12	"WW_DO-MAIN_2"	695		
75		Caenorhabditis elegans cosmid R107		2514	13q33.3-q34	D13S261-D13S293
76		Caenorhabditis elegans cosmid M04C9		274		
77		Bovine opsin	"7tm_1"	449		
78		unbekannt		346		
79		unbekannt		1329		
80		unbekannt		805		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium- Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
81		unbekannt		420		
82		unbekannt		2143	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
83		unbekannt		450		
84		unbekannt		408	17q23.1-q23.2	D17S1680
85		unbekannt		311		
86		unbekannt		487		
87		unbekannt		1902	11p12-p13	WI-6150
88		unbekannt		1048	1q42.11-q43	WI-9317
89		unbekannt		804		
90		unbekannt		581		
91		unbekannt		2042		
92		unbekannt		430		
93		unbekannt		592		
94		unbekannt		674		
95		unbekannt		324		
96		unbekannt		709	5p15.33	D5S1954
97		unbekannt		562		
98		unbekannt		1948	16p13.2-p12.3	D16S499
99		unbekannt		483		
100		unbekannt		437		
101		unbekannt		359		
102		unbekannt		501		
103		unbekannt		1102	1q23.1-q23.2	D1S445-D1S431
104		unbekannt		306		
105		unbekannt		2042		
106		unbekannt		320		
107		unbekannt		506		
108		unbekannt		1276		
109		unbekannt		373		
110		unbekannt	TPR_RE- PEAT [™]	492		
111		unbekannt		1678	6q21	D6S278-D6S302
112		unbekannt		866	9q22.1-q22.2	D9S1841-D9S196
113		unbekannt		1434	18q12.1-q12.3	D18S1124-D18S468
114		unbekannt		914	7q32.3	D7S686-D7S530
115		unbekannt		685	8p12-p11.23	D8S1821-D8S255

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
116		unbekannt		2646		
117		unbekannt		2667		
118		unbekannt		544		
119		unbekannt		1340	18p11.21	D18S471-D18S464
120		unbekannt		2376		
121		unbekannt		225		
122		unbekannt		1967	6q22.33-q23.1	D6S292-D6S1699
123		unbekannt		612		
124		unbekannt		1183	2q32.3-q34	D2S315-D2S2237
125		unbekannt		891	4q28.1-q31.1	
126		unbekannt		482		
127		Human triosephosphate isomerase mRNA		610		
128		Human ras inhibitor mRNA		2072	9q33.3-q34.11	
129		Human R kappa B		980		
130		Human putative interferon-related protein (SM15)		792		WI-9179
131		Human protein trafficking protein (S31iii125)	2x "EMP24-GP25L"	1092	14q32.2-14q32.33	
132		Human protein kinase C-binding protein RACK7		1523	20q13.13-q13.2	D20S957
133		Human gene for histone H1(0)	"linker-histone"	2241	22q13.1	
134		Human cathepsin B proteinase	"Cys-protease"	631		
135		Homo sapiens cathepsin B mRNA	"Cys-protease"	980		
136		unbekannt		2238	14q24.1-14q24.3	D14S277
137		H. sapiens XG mRNA		398		
138		H. sapiens mRNA for RAB7 protein	ras	1084	7q21.3-q22.1	D7S652
139		H. sapiens mRNA for pyrroline 5-carboxylate synthetase		1259		
140		H. sapiens mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase		1938	1q22-q23.1	
141		H. sapiens IL-13Ra		1874	Xq23	
531		Verlängerung von Seq. ID No. 19	2x "CSD"	1708	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
532		Verlängerung von Seq. ID No. 23	2x "G-beta"	2128	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
533		Verlängerung von Seq. ID No. 25		2640		
534		Verlängerung von Seq. ID No. 32	2x "DEAD"	1245		
535		Verlängerung von Seq. ID No. 34		822		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium- Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
536		Verlängerung von Seq. ID No. 43		2703	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
537		Verlängerung von Seq. ID No. 44	"MYB_3"	2664	1q21.2	D1S305-D1S506
538		Verlängerung von Seq. ID No. 52		3888		
539		Verlängerung von Seq. ID No. 54		3304		
540		Verlängerung von Seq. ID No. 55		863	3q24-q23	D3S3409
541		Verlängerung von Seq. ID No. 59		1962	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
542		Verlängerung von Seq. ID No. 60	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1772	6q21	AFMa191wd1
543		Verlängerung von Seq. ID No. 65	2x "PDZ"	1009	1q12	D1S2669-D1S498
544		Verlängerung von Seq. ID No. 69		2834	1p21.3-p22.1	D1S2166
545		Verlängerung von Seq. ID No. 82		2319	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
546		Verlängerung von Seq. ID No. 84		2456	17q23.1-q23.2	D17S1680
547		Verlängerung von Seq. ID No. 87		2218	11p12-p13	WI-6150
548		Verlängerung von Seq. ID No. 88		2196	1q42.11-q43	WI-9317
549		Verlängerung von Seq. ID No. 93		701		
550		Verlängerung von Seq. ID No. 98		2214	16p13.2-p12.3	D16S499
551		Verlängerung von Seq. ID No. 108		1434		
552		Verlängerung von Seq. ID No. 111		2434	6q21	D6S278-D6S302
554		Verlängerung von Seq. ID No. 114		1457	7q32.3	D7S686-D7S530
555		Verlängerung von Seq. ID No. 126		741		

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
1	142
	143
	144
2	145
	146
	147
3	148
	149
	150
4	151
	152
	153
5	154
	155
	156
6	157
	158
	159
7	160
	161
	162
8	163
	164
	165
9	166
	167
	168
10	169
	170
	171
11	172
	173
	174
12	175

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
12	176
	177
13	178
	179
	180
14	181
	182
	183
15	184
	185
	186
	187
16	188
	189
	190
17	191
	192
	193
18	194
	195
	196
19	197
	198
	199
20	200
	201
	202
21	203
	204
22	205
	206
	207
23	208
	209
	210
24	211

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
24	212
	213
25	214
	215
	216
26	217
	218
	219
27	220
	221
	222
28	223
	224
	225
29	226
	227
	228
30	229
	230
	231
31	232
	233
	234
32	235
	236
	237
33	238
	239
	240
34	241
	242
	243
35	244
	245
	246

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	247
36	248
	249
37	250
	251
	252
38	253
	254
	255
39	256
	257
	258
40	259
	260
	261
41	262
	263
	264
42	265
	266
	267
43	268
	269
	270
44	271
	272
	273
45	274
	275
	276
46	277
	278
	279
47	280
	281
	282

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	283
48	284
	285
49	286
	287
	288
50	289
	290
	291
	292
51	293
	294
	295
52	296
	297
	298
53	299
	300
	301
54	302
	303
	304
55	305
	306
	307
56	308
	309
	310
57	311
	312
	313
58	314
	315
	316
59	317
	318

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	319
60	320
	321
	322
61	323
	324
	325
62	326
	327
	328
63	329
	330
	331
64	332
	333
	334
	335
65	336
	337
	338
66	339
	340
	341
67	342
	343
	344
68	345
	346
	347
69	348
	349
	350
70	351
	352
	353
71	354

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	355
	356
72	357
	358
	359
	360
73	361
	362
	363
74	364
	365
	366
75	367
	368
	369
76	370
	371
	372
77	373
	374
	375
78	376
	377
	378
79	379
	380
	380
	381
80	382
	383
	384
81	385
	386
	387
82	388
	389

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	390
83	391
	392
	393
84	394
	395
85	396
	397
	398
86	399
	400
	401
	402
87	403
	404
	405
	406
88	407
	408
	409
89	410
	411
	412
90	413
	414
	415
91	416
	417
	418
92	419
	420
	421
	422
93	423
	424
	425

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	426
94	427
	428
95	429
	430
	431
	432
96	433
	434
	435
97	436
	437
	438
98	439
	440
	441
99	442
	443
	444
100	445
	446
	447
101	448
	449
	450
102	451
	452
	453
103	454
	455
	456
104	457
	458
	459
	460
105	461

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	462
	463
106	464
	465
107	466
	467
	468
	469
108	470
	471
	472
109	473
	474
	475
110	476
	477
	478
111	479
	480
	481
112	482
	483
	484
	485
113	486
	487
	488
114	489
	490
	491
115	492
	493
	494
	495
116	496
	497

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	498
117	499
	500
	501
118	502
	503
	504
119	505
	506
	507
120	508
	509
	510
121	511
	512
	513
122	514
	515
	516
123	517
	518
	519
124	520
	521
	522
125	523
	524
	525
126	526
	527
	528
531	561
	562
	563
532	564
	565

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	566
533	567
	568
	569
534	570
	571
	572
535	573
	574
	575
536	577
	578
537	579
	580
	581
538	582
	583
	584
539	585
	586
	587
540	588
	589
	590
541	591
	592
	593
542	594
	595
	596
543	597
	598
	599
544	600
	601
	602

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
545	603
	604
	605
546	606
	607
	608
547	609
	610
	611
548	612
	613
	614
549	615
	616
	617
550	618
	619
	620
551	621
	622
	623
552	624
	625
554	630
	631
	632
555	633
	634
	635

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 142-528 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

10 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

15 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Uterustumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 622

25 (iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1046 Basenpaare

35 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

5 tcggaacgag ggatcactaa tcaacaaacc agctttcggg gtctgacgcg atccttgccct 60
caggcctctc gaggtccaga cagccgcccga gcccgctctg cgacgcagca gtgaatagtg 120
tggtacctcc ttgtctcggg tcaggtccag acctccccgt cttccggctg ccctgaacgt 180
caggcgacct caggaccctg tgattggcgc ctgcgccggc ggaccgtgac cgaggaaacc 240
cctggaggga cttgggcatt ccttgggctc cgtgcctgtt cttcgtgctc ctttcggggc 300
aaggatctca cattatcagt ctttgaccga cacagaatgc ctggcatttg ataaatgttt 360
10 gttgaacttg aagagacata tggacaatga atctgcaaag atactgggga gagataccaa 420
tatcatcaag ccagaccaac agaagttcct tcgatttgct cccacgggag ttccgtctgg 480
tggaagtcca tgacccaccc ctgcaccaac cctcagccaa caagccgaag cccccacta 540
tgctggacat cccctcagag ccatgtagtc tcaccatcca tacgattcag ttgattcagc 600
acaaccgacg tcttcgcaac cttattgcca cagctcaggc ccagaatcag cagcagacag 660
15 aaggtgtaaa aactgaagag agtgaacctc ttccctcgtg ccctgggtca cctcctctcc 720
ctgatgacct cctgccttta gattgtaaga atcccaatgc accattccag atccggcaca 780
gtgaccacga gagtgacttt tatcgtggga aaggggaacc tgtgactgaa ctcagctggc 840
actcctgtcg gcagctcctc taccaaggca gtggcacaaa tcctggccaa cggcgggctt 900
ttgactgtgc taatgagagt gtcctggaag accctaactt gatgttggca catgagtatt 960
20 ggccttaaag tttaacaaag tttgctgcgt ttttgctgtt gagcgggaag cccgggtggg 1020
agagacttcc ttttgccgaa tgtgat 1046

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 373 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
40 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

50 cgaaggcaga gttcaacagg gatcttttgt aaatgttcaa caagggccac aggagccatt 60
tattgaattt atccatcagt taaccaggc aattaagagc acacatggaa catcgaccat 120
tccacgggta tctcgtataa ccctcaagga caagccatag tggaacgttg cccattccac 180
gcttaaaaat atgcttttaa aaaaggggga atatgaataa ggaccctaca acactactag 240
cacaagtgtt attcaccctt aatttcttaa atttagataa tttaatttcc aatcagccct 300
agaaaagcac ttttgcttaa aacctcccca ggtagcaagg ctttcagtgt tttgggaagg 360
tgtaatagt atc 373

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```
25 ctgctctggc aaccaataga agctaggaga gggcggggac aactgggtct tttgcggctg 60
cagcgggctt gtaggtgtcc ggctttgctg gccagcaag cctgataagc atgaagctct 120
tatctttggt ggctgtggtc ggggtgtttgc tgggtgcccc agctgaagcc aacaagagtt 180
ctgaagatat ccggtgcaaa tgcattctgtc caccttatag aaacatcagt gggcacattt 240
acaaccagaa tgtatcccag aaggactgca actgcctgca cgtgggtggag cccatgccag 300
tgcctggcca tgacgtggag gcctactgcc tgctgtgcga gtgcaggtag gaggagcgca 360
30 gaccaccacc atcaagggtca tcattgtcat ctacctgtcc gtgggtgggtg ccctgttgct 420
ctacatggcc ttcttgatgc tgggtggacc tctgatccga aagccggatg catacactga 480
gcaactgcac aatgaggagg agaatgagga tgctcgctct atggcagcag ctgctgcatc 540
cctcggggga ccccgagcaa acacagtcct ggagcgtgtg gaaggtgcc agcagcgggtg 600
gaagctgcag gtgcaggagc agcggaaagc agtcttcgat cggcacaaga tgctcagcta 660
35 gatgggctgg tgtgggttggg tcaaggcccc aacaccatgg ctgccagctt ccaggctgga 720
caaagcaggg ggctacttct cccttcctc ggttccagtc ttccctttaa aagcctgtgg 780
catttttctt ctttctccct aacttttagaa atgttgtagt tggctatattt gattagggaa 840
gagggatgtg gtctctgac tccgttgtct tcttgggtct ttggggttga agggaggggg 900
aaggcaggcc agaagggaat ggagacattc gaggcggcct caggagtgga tgcgatctgt 960
40 ctctcctggc tccactcttg ccgccttcca gctctgagtc ttgggaatgt tgttaccctt 1020
ggaagataaa gctgggtctt caggaactca gtgtctggga ggaaagcatg gccagcattt 1080
cagcatgtgt tcctttctgc agtggttctt tatcaccacc tccctcccag cccagcgcct 1140
tcagccccag cccagctcc agcctgagg acagctctga tgggagagct gggccccctg 1200
agcccactgg gtcttcaggg tgcactggaa gctggtgttc gctgtcccct gtgcacttct 1260
45 cgactgggg catggagtgc ccatgcatac tctgctgccg gtccccctac ctgcacttga 1320
ggggtctggg cagtccttcc tctccccagt gtccacagtc actgagccag acggtcgggtt 1380
ggaacatgag actcgaggct gagcgtggat ctgaacacca cagcccctgt acttgggttg 1440
cctcttgctc ctgaacttcg ttgtaccagt gcatggagag aaaattttgt cctcttgctt 1500
tagagttgtg tgtaaatcaa ggaagccatc attaaattgt tttatttctc tccaaaaaaa 1560
50 aaaaaaaaaa a 1571
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1789 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```
20 agaccatgct ggaaaaaatt ccaaaggaag agcaagaaga gacgtctgca attcgagtgg 60
   gttttatcac atataacaaa gttctccatt tctttaatgt gaagagtaat ctggcccagc 120
   ctcagatgat gggggtgact gatgttgagg aagtctttgt tcctttgttg gatggtttcc 180
   ttgtcaacta tcaagaatcc caatctgtga ttcataattt gttggaccag attccagaca 240
   tgtttgcaga ctctaataa aatgagactg tctttgctcc tgtcatccag gctggcatgg 300
25 aagcactaaa ggcagcagac tgtcctggga agctgttcat cttccattct tccttgccaa 360
   ctgctgaagc accaggggag ctcaaaaaca gagatgacaa aaaactgggt aatacagaca 420
   aagagaagat acttttccag ccccaaacaa atgtctatga ctcatggcc aaggactgcg 480
   tggctcaccg gctgctctgt gacactcttc ctctttccta gtcagtatgt ggacgtggcc 540
   tcgctggggc tggttcctca gctcactgga ggaacccttt acaaatacaa caatttccag 600
30 atgcacttgg atagacaaca atttttgaac gacctcagaa atgatattga aaagaaaata 660
   ggctttgatg ctattatgag ggttcgtacc agcacagggt tcagagccac tgatttcttt 720
   ggtggaatct tgatgaacaa caccaccgat gtagaaatgg ctgccatcga ttgtgacaag 780
   gcagtgaccg tggagttcaa gcacgatgac aaactcagtg aagacagtgg agccttaatc 840
   cagtgtgctg tgctttacac gacaatcagt ggtcaaagaa gacttcggat tcacaatctt 900
35 ggcttaaact gcagctctca gctagctgat ctttataaga gctgtgagac agatgctctt 960
   atcaacttct ttgccaaagtc agctttttaa gcagttctcc accagccttt gaaggtcatc1020
   cgggaaattc tagttaatca gactgcccac atgttggcat gttaccggaa gaattgtgca1080
   agtccttctg cagcaagcca gcttattcta ccagattcca tgaaagtatt gccagtgtac1140
   atgaattgct tgttgaaaaa ctgtgtacta ctcagcagac cagagatctc aactgatgaal200
40 cgagcatacc agagacagct ggtcatgacc atgggtgtgg ctgactctca gcttttcttc1260
   taccacaaac ttctgcccac acacacgtta gatgtcaaga gtacaatgtt acctgctgcc1320
   gtctgttctg ctgagtcacc tctttcagaa gaaggaatat tcttactggc taatgggtcta1380
   cacatgttcc tgtggttggg agtaagcagc ccaccagaac tgatccaagg aatatttaata1440
   gtgccatctt ttgcacatat caacacagat atgacattgc tgcctgaagt gggaaaccca1500
45 tactctcaac aactcagaat gataatgggt attatccaac aaaagaggcc atattcaatg1560
   aagctcacia ttgtaaagca gcgagaacaa ccagaaatgg ttttccgaca gttcctggta1620
   gaagacaaag gactttacgg aggctcttct tatgtggatt tcctttgttg tgttcacaag1680
   gagatctgtc agctgcttaa ttaattggaa actccccggg caatggaggt tgcgttgcca1740
   gggggggaaa agcccctttt tggggcccaa atttgccagg gggaaaaag 1789
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

20  gggccagccg gctcgcgccg gggccatggc agcagcggct actgcagccg aggggggtccc 60
    cagtcggggg cctcccgggg aagtcaccca tctgaatgtg ggaggcaaga gattcagtac 120
    ctctcgccag actctcacct ggatcccaga ctcttcttc tccagtcttc tgagcggacg 180
    catctcgacg ctgaaagatg agaccggagc aatcttcacg gacagggacc ctacagtctt 240
    cgcccccatc ctcaacttcc tgcgcaccaa agagttggat cccaggggtg tccacgggtc 300
    cagcctcctc catgaagccc agttctatgg gctcactcct ctggttcgtc gcctgcagct 360
25  tgcagaggag ttggatcgat cttcttggtg aaacgtcctc ttcaatggtt acctgccgcc 420
    accagtgttc ccagtgaagc ggcggaaccg gcacagccta gtggggcctc agcagctaag 480
    aggacggcca gcccctgtcc gacggagcaa cacgatgcc cccaaccttg gcaatgcagg 540
    gctgctgggc cgaatgctgg atgagaaaac ccctccctca ccctcaggac aacctgagga 600
    gccgggggatg gtgcgcctgg tgtgtggaca ccataattgg atcgtgtgtg cctataacca 660
30  gtttctagtc tgctacaggt tgaaggaagc ctctggcggg cagctggtgt ttccagccc 720
    ccgcctggac tggcccatgc gaacgactgg cgcttcacag cccgggtgca tgggtggggct 780
    ttgggtgaac atgacaagat ggtggcagca gccaccggca gcgagatcct gctatgggct 840
    ctgcaggcgg aaggcgggtg ctccgagata ggggtcttct atctgggggt gcctgtggag 900
    gccttggttct tcgtcgggaa ccagctcatt gctacaagcc acacagggcg catcgggggtg 960
35  tggaatgccg tcaccaagca ctggcaggtc caggaggtgc agcccatcac cagttatgac1020
    gcggcaggct ccttcctcct cctgggctgc aacaacggct ccatttacta cgtggatgtg1080
    cagaagttec ccttgcgcat gaaagacaac gacctccttg tcagcgagct ctatcgggac1140
    ccagcggagg atggggtcac cgccctcagt gtctacctca cccaagac cagtgcagct1200
    gggaactgga tcgagatcgc ctatggcacc agctcagggg gcgtgcgggt catcgtgcag1260
40  cacccgga ga ctgtgggtc ggggcctcag ctcttccaga ccttcactgt gcaccgcagc1320
    cctgtcacca agatcatgct gtccgagaag cacctcatct cagtctgtgc cgacaacaac1380
    cacgtgcgga catggtctgt gactcgcttc cgcgcatga tttccacca gcccggtctc1440
    acccactcg ctctctttaa gatcctggct ctggagtcgg cagatgggca tggcggtctc1500
    agtgctggca atgacattgg ccctacgggt gagcgggacg accagcaagt gttcatccag1560
45  aagggtggtgc ccagtgcag ccagctcttc gtgcgtctct catctactgg gcagcgggtg1620
    tgctccgtgc gctccgtgga cggctcacc acgacagcct tcacagtgtc ggagtgcgag1680
    ggctcccggc ggctcggctc tcggccccgg cgctacctgc tactggcca ggccaacggc1740
    agcttgacca tgtgggacct aaccaccgcc atggacggcc tcggccaggc ccctgcaggt1800
    ggctgacgg agcaagagct gatggaacag ctggaacact gtgagctggc cccgcccggc1860
50  ccttcagctc cctcatgggg ctgtctcccc agcccctcac ccgcatctc cctcaccagc1920
    ctccactcag cctccagcaa cacctccttg tctggccacc gtgggagccc aagccccccg1980
    caggctgagg cccggcgccg tgggtggggc agctttgtgg aacgctgcca ggaactggtg2040
    cggagtgggc cagacctccg acggccaccc acaccagccc cgtggccctc cagcgggtctc2100
    ggcactcccc tcacacctcc caagatgaag ctcaatgaaa cttccttttg aacaacgcag2160
55  ctgccatgat gccttgggat gccctgggtc tgggggactc aggtgcctcc ctgattcctg2220
    tgggaacccc ggggttcagg ccagggcctc cttggaataa atggttattg ttactaggctc2280
    cccaccttcc ctcttttctg gaagccaaag tcacctccc caataaagtc ctactgccca2340
    aaaaaaaaaa aaaaaaaacc g                                     2361
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

- 5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1638 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

25

ggctgcggat ttcgccggaa atcccggaa tgacagcttt ggggggtttgc tgctggctct 60
gactcccgtc ctgcgatggg ttgcgacggg ggaacaatcc ccaagaggca tgaactggtg 120
aaggggccga agaaggttga gaaggtcgac aaagatgctg aattagtggc ccaatggaac 180
tattgtactc taagtcagga aatattaaga cgaccaatag ttgcctgtga acttggcaga 240
30 ctttataaca aagatgccgt cattgaattt ctcttgga aatctgcaga aaaggctctt 300
gggaaggcag catctcacat taaaagcatt aagaatgtga cagagctgaa gctttctgat 360
aatcctgcct gggaagggga taaaggaaac actaaagggtg acaagcacga tgacctccag 420
cgggcgcggt tcatctgccc cgttggtgggc ctggagatga acggccgaca caggttctgc 480
ttccttcggt gctgcggctg tgtgttttct gagcgagcct tgaaagagat aaaagcggaa 540
35 gtttgccaca cgtgtggggc tgccttccag gaggatgatg tcatcgtgct caatggcacc 600
aaggaggatg tggacgtgct gaagacaagg atggaggaga gaaggctgag agcgaattgg 660
aaaagaaaac aaagaaaacc aaggcagcag agtctgtttc aaaaccagat gtcagtgaag 720
aagccccagg gccatcaaaa gttaagacag ggaagcctga agaagccagc cttgattcta 780
gagagaagaa aaccaacttg gctcccaaaa gcacagcaat gaatgagagc tcttctggaa 840
40 aagctgggaa gcctccgtgt ggagccacaa agaggtccat cgctgacagt gaagaatcgg 900
aggcctacaa gtccctcttt accactcaca gctccgcaa gcgctccaag gaggagtctg 960
cccactgggt caccacacag tcctactgct tctgaagccc gcactgccac cgctcctgcc1020
ccagaagggt gtttagtttc cacgtaggca ggctcgctttg tgcctctgag tgcgctgctg1080
tgtgttctct ctatagttct gtgtcataaa gctgtcctgg ccagccttca agctggtgtg1140
45 gccactcttg atgtgaggcg tgtcggttcc aggggggaca tgggaggggc tgcacagtgg1200
cccgaggtea tgcttgcttc cacctgcagg tgcatttggt cctttccatg gccaggaagc1260
cctgtgggct gcacttttta tgcttgagcgt aacaagagac tccagagtcc tcaccggtgc1320
agagttggca catattaatt aactaaaatt ctaatgatct tgctaccagc aataaatcaa1380
gtaggccaag tgaaactggg ctttaaaaag gatggatttc aaatacactg tgcccactag1440
50 aagcttcgaa gggcctcgtc cctctgctac agccctggga ggagccagga tccttggttg1500
tctagctaaa tactgttagg ggagtgtgcc ccatctcatc atttcgaaga tagcagagtc1560
atagttgggc acccggtgat tgggttcaaa aataaagctg gtctgcctct tcaaaaaaaaa1620
aaaaaaaaa aaaaaaaa 1638

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1034 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```
25  cgctgcgcg ctgagtgcgt gccgctccgc cgaccgaaga ggctggacat gacaccagtg 60
    gcatatcacg gccatggggg ctcagcattc cgctgctgct cgcccctcct cctgcaggcg 120
    aaagcaagaa gatgacaggg acggtttgct ggctgaacga gagcaggaag aagccattgc 180
    tcagttccca tatgtggaat tcaccgggag agatagcatc acctgtctca cgtgccaggg 240
    gacaggctac attccaacag agcaagtaaa tgagttgggtg gctttgatcc cacacagtga 300
    tcagagattg cgccctcagc gaactaagca atatgtcctc ctgtccatcc tgctttgtct 360
30  cctggcatct ggtttgggtg ttttcttctt gtttccgcat tcagtccttg tggatgatga 420
    cggcatcaaa gtggtgaaag tcacatttaa taagcaagac tcccttgtaa ttctcaccat 480
    catggccacc ctgaaaatca ggaactccaa cttctacacg gtggcagtga ccagcctgtc 540
    cagccagatt cagtacatga acacagtggg gaattttacc gggaaggccg agatgggagg 600
    accgttttcc tatgtgtact tcttctgcac ggtacctgag atcctgggtgc acaacatagt 660
35  gatcttcatg cgaacttcag tgaagatttc atacattggc ctcatgaccc agagctcctt 720
    ggagacacat cactatgtgg attgtggagg aaattccaca gctatttaac aactgctatt 780
    ggttcttcca cacagcgctt gtagaagaga gcacagcata tggtcccaag gcctgagttc 840
    tgggacctac cccacagtgg gtgttaaggc agaggggaagg aattgggttca ctttaacttc 900
    ccaggcaaac attcctcctg gccacttagg gagggaaaca cttccctat gggttaccat 960
40  ttgttggttg ttcaggaacc aggcggattc agttgcctag gcgtgttgcc ccagcaatta 1020
    gtttgggcat tgca                                     1034
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 947 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

15 cgaggccctg gcatgtgcaa agagtactga gtgggattcc cagcaggata ccatcaagta 60
ctacaccatg cacctgacca cattgtgcaa cacgtgattg gacaacccaa cccagagaaa120
caaggatcag ctgatccggg cagccgtgaa gtttctggac accgacacca tctgctacag180
ggtggaggag cccgagacat tagtggaact tcaaaggaat gagtgggatc caatcatcga240
atgggctgag aaaagatacg gcgtggagat cagctcctcc accagcataa tgggacccag300
catccctgcc aaaactcggg aggtgctcgt cagccacctg gcattcttaca acacatgggc360
20 tttaacaaggg attgagtttg tagctgcccc gctcaagtcc atgggtgctaa ccttgggcct420
gattgacctg cgcctgacag tggagcaggc cgtgctgctg tcacgcctgg aggaggagta480
ccagatccag aagtggggca acattgagtg ggcccatgac tatgagctgc aggagctgcg540
ggcccgaccc gccgccggca ccctcttcat ccatctctgc tccgagagca ccacagtcaa600
gcacaagctc ctgaaggagt gaggcctggg cagagcacac tcagcaggat agaggcagtg660
25 cagccacagc tcccccgcc ttcagggtc cccagcctgt ggggctggct tccttggctt720
ttggggactc ggccctcagcg tcaccctgag attccccccg agacacagtg cgctagtagc780
gctgtccgga ggtcagcctg atttcaaccc aggtgcccct ggccctggcca gcagtgaatg840
taggagatga attgtgcaag tgactttctc tcgactctga ttttattaaa tatttctcca900
ccctggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 947
30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 497 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

ctcgtggcga gagactgaga taaaagagca actcactgaa cacctttgta cgatcataca 60
gcaaaatgag ctccgaaagg ccaagaagtt ggaggagttg atgcaacaac tagatgtaga120
agccgatgaa gagacttttg agcttgaggt ggaggtcgag agattgctac acgaacaaga180
5 agtagaatca aggagaccag tggttcgttt agagaggcca tttcagcctg cggaggagag240
tgtgacatta gaatttgcta aagagaacag aaagtgtcaa gaacaagctg tttcccaaaa300
ggtagatgac cagtgtggaa attccagtag catccccttt cttagtccaa actgccc aaa360
tcaagaaggt aatgacattt cagctgcttt ggccacatga agttctggta ttcttttgag420
ctaatatggt attgagtaaa gtatactttt tgcagtagat catgccctga cctccaataa480
10 aaacctcttt aaaacaa 497

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

cggggagagg tgggctgggc tgcaggctct ggcggttggtc tggatcatcg cgcccggtact 60
ctgaagtttt ctccgtggcg ctcccttgaga ggggttcctc ctgcatcttg agaataatttt120
gcatttcggc tcccttctct tctcgtctgc atcggtatgcc ccaaataggt cctgtcccct180
40 cgggtgaatca gacttcggaa accgcctcgc ttcagggtca gagtccaagt acagatgagc240
ttgagaggga ttctgaaatg caacggccc 269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1717 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```
15 attctaggac caacactcct gtggagacgt ggaaagggttc caaaggcaaa cagtcctata 60
   cctacatcat tgaggagaac actaccacga gcttcacctg ggccttccag aggaccactt 120
   ttcattgaggc aagcaggaag tacaccaatg acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180
   ccaatgttat gaatggcgtg gcctcctact gccgtccctg tgccctagaa gcctctgatg 240
   tgggctcctc ctgcacctct tgtcctgctg gttactatat tgaccgagat tcaggaacct 300
   gccactcctg cccccctaac acaattctga aagcccacca gccttatggt gtccaggcct 360
20 gtgtgccctg tgggccaggg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420
   gcaccttctc acgcaacact ccaaccagga ctttcaacta caacttctcc gctttggcaa 480
   acaccgtcac tcttgctgga gggccaagct tcacttccaa agggttgaaa tacttccatc 540
   actttaccct cagtctctgt ggaaaccagg gtaggaaaat gtctgtgtgc accgacaatg 600
   tcactgacct ccgattcctt gagggtgagt cagggttctc caaatctatc acagcctacg 660
25 tctgccaggc agtcatcatc cccccagagg tgacaggcta caaggccggg gtttcctcac 720
   agcctgtcag ccttgctgat cgacttattg gggtgacaac agatatgact ctggatggaa 780
   tcacctccc agctgaactt ttccacctgg agtccttggg aataccggac gtgatcttct 840
   tttataggtc caatgatgtg acccagtcct gcagttctgg gagatcaacc accatccgcg 900
   tcaggtgcag tccacagaaa actgtccctg gaagtttgct gctgccaggc acgtgctcag 960
30 atgggacctg tgatggctgc aacttccact tcctgtggga gagcgcggct gcttgcccgc 1020
   tctgctcagt ggctgactac catgctatcg tcagcagctg tgtggctggg atccagaaga 1080
   ctacttacgt gtggcgagaa cccaagctat gctctgggtg catttctctg cctgagcaga 1140
   gagtacccat ctgcaaaacc atagatttct ggctgaaagt gggcatctct gcaggcacct 1200
   gtactgccat cctgctcacc gtcttgacct gctacttttg gaaaaagaat caaaaactag 1260
35 agtacaagta ctccaagctg gtgatgaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgccagcag 1320
   ctgacagctg cgccatcatg gaaggcgagg atgtagagga cgacctcatc ttaccagca 1380
   agaagtcact ctttggggaag atcaaatcat ttacctccaa gaggactcct gatggatttg 1440
   actcagtgcc gctgaagaca tcctcaggag gccacagacat ggacctgtga gaggcactgc 1500
   ctgcctcacc tgctcctca ccttgcatag cacctttgca agcctgcggc gatttgggtg 1560
40 ccagcatcct gcaacacca ctgctggaaa tctcttcatt gtggccttat cagatgtttg 1620
   aatttcagat ctttttttat agagtacca aacctcctt tctgcttgcc tcaaacctgc 1680
   caaatatacc cacactttgt ttgtaaatta aaaaaaa 1717
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1419 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```
ggcagaggta ttacctgaaa acttaaaaga aggcctgaag gaatcttcct ggagttcatt 60
accatgtact aaaaacagac cttttgattt tcattcagtg atggaagagt ctcagtctct 120
caatgaacct agcccaaagc agagtgaaga aataccagag gtcacttcag agcctgtcaa 180
15 aggaagctta aaccgtgctc agtcagcaca gtctataaat tcaacagaaa tgcctgccag 240
agaggactgt ttgaaaaaag agtgccctca gaacctgttc tgtcagttca agaaaaaggt 300
gttctgctga aaagaaagtt gtctctttta gaacaggatg tgattgtaaa tgaagatgga 360
agaaataagc tgaaaaaaca aggagaaact cccaatgaag tctgtatgtt ttccttagct 420
tatggtgata ttccagaaga attaatcgat gtctcagatt tcgagtgttc tctctgcatg 480
20 aggttggttt ttgagccagt aacaaccctt tgcggacatt cgttctgtaa gaattgtctt 540
gagcgttggt tagatcatgc accatattgt cctctttgca aagaaagctt aaaagagtat 600
ctagcagata ggaggtactg tgtcacacag ctgttggaag gaattaatag tgaagtatct 660
gcctgatgaa ctgtctgaga gaaaaaaaaat atatgatgaa gaaactgctg aactctcaca 720
cttgaccaag aatgttccaa tatttggttg cactatggcc taccctactg tgccttgccc 780
25 tctccatgta ttgagccaa gatacagatt gatgattcga agaagtatac agactggaac 840
caaacagttt ggcattgtgtg tcagtgtatc acaaaatagt tttgcagatt atggttgtat 900
gttaciaaatt agaaacgtgc atttcttacc ggacggaagg tctgtggttg atacagttgg 960
aggaagcggt tttaggggtt taaaaagagg aatgaaagat ggatattgca ctgccgacat 1020
tgaatatctg gaagatgtta aggttgagaa tgaagatgag attaagaatc tcagagagct 1080
30 tcatgatttg gtttactctc aagcctgcag ctggtttcag aatttaagag acagatttcg 1140
aagccaaatt cttcagcatt tcggatcaat gcccgagagg agggaaaacc ttcaggcagc 1200
ccctaattgga cctgcatggt gttggtggct tcttgagtt ctccctgtag acccacgata 1260
ccagctgtcg gttttgtcaa tgaagtcttt gaaagaacgg ttgaccaaga tacagcatat 1320
actgacctat ttttctagag accaattcta agtaactaac tctttgggat cttccctttg 1380
35 aaagttgacc cctaattctt gggctgccat ttggttggg 1419
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

5
agcgcggtga agcggggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60
aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgcagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
10 cccatgaaag ctgtgggact ggcctgggcc atcggttcc cttgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggttc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttg gtctgggggtg cagacctgag gagcgtgcg accctcctag480
gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
15 ccagagggcg catgaagccc aggctgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaaagg caataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaagtcgac c 671

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

20
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 524 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

45 aagtgttctc agatgctgat gtttgtaagg tcccgggtgg gccatgagga agaagaggag 60
ctgaaggtaa gagactcata aacaagatga ctctttgatg catgaacaag atttgaaaat120
ctcaagcctg taaagaatac ccctgctatt taaataaagc tcataccaag aggtaacatt180
ttgccccggg ccaaattcag gggctctagt ccctgcattc ctttgaggca aaaaataaat240
gggctatgac tggttaaatg tccaaaagg gaattctcat ttcatcaca caaagacaga300
tttgcgcat cactcaagca gaatgtggcc atgaatattc agccccgtgca tacatacaaa360
gatgtacgca tgattcccc caccaagcac acacacagtc acacacgcac acacacacac420
50 atgcacacac gcgcgtgcac acacggacac atgcacacac acacgcacac gtaaacacat480
gcacacatgc acacacgtgc acacatgcac acacggacac actt 524

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 345 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```
aaactttctt tctacaaaaa atcaaaagct tagctgatag atcatgaaaa tagattatga 60
acagtgaat tcctgagaag gctgaaagt cgagggaacca aagcagggga gattagcctt120
25 agtccggagg agggagaagc agatggaagt cagcagcctg ccttggtttt acgtgtaata180
tttaaatttg caaattgtat tacaggagg cctactttct gtttttatca agagtttttc240
ttttgttcaa agacactggt tatgggaata ttttgaaagg gtaagaaacg ctggtataaa300
aagggtgtgc agattaattt tgaaggctct tacggaacca gtccc 345
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1060 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

5  ggcggtccca ggcaggccca gaagctgggc agcctctgcc gggttccggg aaaaggagct 60
   cctgctgccca ctgctcttcc ggagcctgca gcatggggcc cctgccgcgc accgtggagc 120
   tcttctatga cgtgctgtcc ccctactcct ggctgggctt cgagatcctg tgccgggtatc 180
   agaatatctg gaacatcaac ctgcagttgc ggcccagcct cataacaggg atcatgaaag 240
   acagtggaaa caagcctcca ggtctgcttc cccgcaaagg actatacatg gcaaatagact 300
   taaagctcct gagacaccat ctccagattc ccatccactt ccccaaggat ttcttgtctg 360
   tgatgcttga aaaaggaagt ttgtctgccca tgcgtttcct caccgccgtg aacttggagc 420
10 atccagagat gctggagaaa gcgtcccggg agctgtggat gcgcgtctgg tcaaggaatg 480
   aagacatcac cgagccgcag agcatcctgg cggctgcaga gaaggctggt atgtctgcag 540
   aacaagccca gggacttctg gaaaagatcg caacgccaaa ggtgaagaac cagctcaagg 600
   agaccactga ggcagcctgc agatacggag cctttgggct gcccatcacc gtggcccatg 660
   tggatggcca aaccacatg ttatttggct ctgaccggat ggagctgctg gcgcacctgc 720
15 tgggagagaa gtggatgggc cctatacctc cagccgtgaa tgccagactt taagattgcc 780
   cggaggaagc aaactcttcg tataaaaaaa gcaggccatc tgcttaacct ttggctccac 840
   cataaggcac tgggactcgg atttctctat ctgatagagg tattttctgt ggccctggga 900
   gctgtctgtc tttcccctac cccaaggat gccaggaaga cgtccaccat tagccatgtg 960
   gcaaccttta cttctatgcc tcacaagtgc ctttcagaga gccccaattc tgctttccca 1020
20 caaataaac ctaatgccat caggcaaaaa aaaaaaaaaa 1060

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

45

```

   ctctctctct ttctgtctct tctcgtctcc ctctctttct ctctccctc tgccttccca 60
   gtgcataaag tctctgtcgc tcccggaaact tggtggcaat gcctattttt tggctttccc 120
   ccgcgttctc taaactaact atttaaagggt ctgcgggtcgc aaatggtttg actaaacgta 180
   ggatgggact taagttgaac ggcagatata ttctactgat cctcgcggtg caaatagcgt 240
50 atctggtgca ggccgtgaga gcagcgggca agtgcgatgc ggtcttcaag ggcttttcgg 300
   actgtttgct caagctgggc gacacatggc caactaccg caggcctgga cgacaagacg 360
   aacatcaaga ccgtgtgcac atactgggag gatttccaca gctgcacggg cacagccctt 420
   acggattgcc aggaaggggc gaaagatatg tgggataaac tgagaaaaga atccaaaaac 480
   ctcaacatcc aaggcagctt attcgaactc tgcggcagcg gcaacggggc ggcgggggtcc 540
55 ctgctcccgg cgttcccggg gctcctggtg tctctctcgg cagcttttagc gacctggctt 600
   tccttctgag cgtggggcca gctccccccg cgcgcccacc cacactcact ccatgctccc 660

```

ggaaatcgag aggaagatcc attagttctt tggggacgtt gtgattctct gtgatgctga 720
aaacactcat ataggattgt gggaaatcct gattctcttt ttattttcgt ttgatttctt 780
gtgtttttatt tgccaaatgt taccaatcag tgagcaagca agcacagcca aaatcggacc 840
tcagcttttag tccgtcttca cacacaaata agaaaacggc aaacccaccc catttttttaa 900
5 ttttattatt attaatTTTT tttgttggca aaagaatctc aggaacggcc ctgggccacc 960
tactatatta atcatgctag taacatgaaa aatgatgggc tcctcctaata aggaaggcga 1020
ggagaggaga aggccagggg aatgaattca agagagatgt ccacggacga aacatacggg 1080
gaataattca cgctcacgtc gttcttccac agtatcttgt tttgatcatt tccactgcac 1140
atttctcctc aagaaaagcg aaaggacaga ctgttggctt tgtgtttgga ggataggagg 1200
10 gagagaggga aggggctgag gaaatctctg gggtaagagt aaaggcttcc agaagacatg 1260
ctgctatggg cactgagggg ttagctttat ctgctgttgt tgatgcatcc gtccaagttc 1320
actgccttta ttttccctcc tccctcttgt tttagctgtt acacacacag taatacctga 1380
atatccaacg gtatagatca caaggggggg atgttaaagt ttaatctaaa atatagcta 1440
aaaaagattt tgacataaaa gagccttgat tttaaaaaaa aaagagagag agatgtaatt 1500
15 taaaaagttt attataaatt aaattcagca aaaaagatt tgctacaaag tatagagaag 1560
tataaaataa agtttattgt ttgaaaaaaa agtgctcgtt gtttctacc ccaacctgct 1620
ttcttgacct agttctcagg gaacctgaag ggacacagga tgccggtgat aagctcacct 1680
cttcaggaag ccgcttcaag cagacctgcc accttcaagc a 1721

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

accctgtggg cccgggtttc tgcagagtct acttcagaag cggaggcact gggagtccgg 60
45 tttgggattg ccaggctgtg gttgtgagtc tgagcttgtg agcggctgtg gcgccccaac 120
tcttcgccag catatcatcc cggcaggcga taaactacat tcagttgagt ctgcaagact 180
gggaggaact ggggtgataa gaaatctatt cactgtcaag gtttattgaa gtcaaaatgt 240
ccaaaaaaat cagtggcggg tctgtggtag agatgcaagg agatgaaatg acacgaatca 300
tttgggaatt gattaaagag aaactcattt ttccctacgt ggaattggat ctacatagct 360
50 atgatttagg catagagaat cgtgatgcca ccaacgacca agtcaccaag gatgctgcag 420
aagctataaa gaagcataat gttggcgtca aatgtgccac tatcactcct gatgagaaga 480
gggttgagga gttcaagttg aaacaaatgt ggaaatcacc aaatggcacc atacgaaata 540
ttctgggtgg cacggtcttc agagaagcca ttatctgcaa aaatatcccc cggcttgtga 600
gtggatgggt aaaacctatc atcataggtc gtcattgcta tggggatcaa tacagagcaa 660
55 ctgattttgt tgttcctggg cctggaaaag tagagataac ctacacacca agtgacggaa 720
ccaaaagggt gacatacctg gtacataact ttgaagaagg tggtggtgtt gccatgggga 780
tgtataatca agataagtca attgaagatt ttgcacacag ttccttccaa atggctctgt 840

ctaaggggttg gcctttgtat ctgagcacca aaaacactat tctgaagaaa tatgatgggc 900
gttttaaaga catctttcag gagatatatg acaagcagta caagtcccag tttgaagctc 960
aaaagatctg gtatgagcat aggctcatcg acgacatggt ggcccaagct atgaaatcag1020
agggaggctt catctgggcc tgtaaaaact atgatggtga cgtgcagtcg gactctgtgg1080
5 cccaagggtta tggctctctc ggcatgatga ccagcgtgct ggtttgtcca gatggcaaga1140
cagtagaagc agaggctgcc cacgggactg taaccgctca ctaccgcatg taccagaaag1200
gacaggagac gtccaccaat cccattgctt ccatttttgc ctggaccaga gggttagccc1260
acagagcaaa gcttgataac aataaagagc ttgccttctt tgcaaatgct ttggaagaag1320
tctctattga gacaattgag gctggcttca tgaccaagga cttggctgct tgcattaaag1380
10 gtttacccaa tgtgcaacgt tctgactact tgaatacatt tgagttcatg gataaacttg1440
gagaaaactt gaagatcaaa ctagctcagg ccaaacttta agttcatacc tgagctaaga1500
aggataattg tcttttggtta actaggtcta caggtttaca tttttctgtg ttacactcaa1560
ggataaaggc aaaatcaatt ttgtaatttg tttagaagcc agagtttatc ttttctataa1620
gtttacagcc tttttcttat atatacagtt attgccacct ttgtgaacat ggcaaggga1680
15 ttttttacia tttttatattt attttctagt accagcctag gaattcgggt agtactcatt1740
tgtattcact gtcacttttt ctcatgttct aattataaat gaccaaatac aagattgctc1800
aaaagggtta atgatagcca cagtattgct ccctaaaata tgcataaagt agaaattcac1860
tgccttcccc tcctgtccat gaccttgggc acagggaagt tctgggtgtca tagatatccc1920
gttttgtgag gtagagctgt gcattaaact tgcacatgac tggaacgaag tatgagtgc1980
20 actcaaagtgt gttgaagata ctgcagtcac ttttgtaaag accttgctga atgtttccaa2040
tagactaaat actgtttagg ccgcaggaga gtttggaatc cggaataaat actacctgga2100
ggtttgtcct ctccattttt ctctttctcc tcctggcctg gcctgaatat tatactactc2160
taaatagcac atttcatcca agtgcaataa tgtaagctga atcttttttg gacttctgct2220
ggcctgtttt atttctttta tataaatgtg atttctcaga aattgatatt aaacactatc2280
25 ttatcttctc ctgaactgtt gattttaatt aaaattaagt gctaattacc attaaaaaaa2340
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1321 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

cctggaaaca agatccaaac ccaagtgacc ccgccggaaa gtgacccagt caggttttaa 60
aattccaaca aaccgacgtg acaaataga ccgaccaacc aaatatacaa tccgtcaaaa 120
tacattcact tccactacga aacccaaca aagggtgtga atgcccgccc aggagagacg 180
55 gttttgggtt catcaagtgt gtggatcgtg atgttcgtat gttcttccac ttcagtga 240
ttctggatgg gaaccagctc catattgcag atgaagtaga gtttactgtg gttcctgata 300
tgctctctgc tcaaagaaat catgctatta ggattaaaaa acttcccaag ggcacgggtt 360

catttcattc ccattcagat caccgttttc tgggcacggt agaaaaagaa gccacttttt 420
 ccaatcctaa aaccactagc ccaaataaag gcaaagagaa ggaggctgag gatggcatta 480
 ttgcttatga tgactgtggg gtgaaactga ctattgcttt tcaagccaag gatgtggaag 540
 gatctacttc tcctcaaata ggagataagg ttgaatttag tattagtac aaacagaggc 600
 5 ctggacagca gggtgcaact tgtgtgcgac ttttaggtcg taattctaac tccaagaggc 660
 tcttgggtta tgtggcaact ctgaaggata attttggatt tattgaaaca gccaatcatg 720
 ataaggaaat ctttttccat tacagtgagt tctctggtga tgttgatagc ctggaactgg 780
 gggacatggt cgagtatagc ttgtccaaag gcaaaggcaa caaagtcagt gcagaaaaag 840
 tgaacaaaac acactcagtg aatggcatta ctgaggaagc tgatcccacc atttactctg 900
 10 gcaaagtaat tcgccccctg aggagtgttg atccaacaca gactgagtag caaggaatga 960
 ttgagattgt ggaggagggc gatatgaaag gtgaggtcta tccatttggc atcgttggga 1020
 tggccaacaa aggggattgc ctgcagaaag gggagagcgt caagttccaa ttgtgtgtcc 1080
 tgggccaaaa tgcacaaact atggcttaca acatcacacc cctgcgcagg gccacagtgg 1140
 aatgtgtgaa agatcagttt ggcttcatta actatgaagt aggagatagc aagaagctct 1200
 15 ttttccatgt gaaagaagtt caggatggca ttgagctaca ggcaggagat gaggtggagt 1260
 tctcagtgat tcctaagagt tcaggcggac tggcagggtc aggcgcctgt agatgttttg 1320
 g 1321

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 384 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 25 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20

ggtcgaatcc aaatcactca ttgtgaaagc tgagctcaca gccgaataag ccaccatgag 60
 45 gctgtcagtg tgtctcctga tgggtctcgt ggccctttgc tgctaccagg cccatgctct 120
 tgtctgcca gctgttgctt ctgagatcac agtcttctta ttcttaagt acgtgcggt 180
 aaacctccaa gttgccaaac ttaatccacc tccagaagct cttgcagcca agttggaagt 240
 gaagcactgc accgatcaga tatcttttaa gaaacggctt ctcatgtgaa aaagtcctgg 300
 gtgggaatag tgaaaaaatg tgggtgtgtg acatgtaaaa atgctcaacc tgggtttcca 360
 50 aagtcttttc aacggcaacc tgat 384

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 367 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

20 gggcactggt ggtccggttc ctcaccaaac gattcatcgg tgactatgaa agaaatgcag 60
gtaatctcta tactagacaa gttcagatag aagggtgaaac cctggctctt cagggttcaag120
acactccagg tattcagggtc catgagaaca gcctgagctg cagtgaacag ctgaataggt180
gcattcgctg ggcagatgct gtggtgatcg ttttctccat cactgactac aagagctatg240
25 aactcatcag ccagctccac cagcacgtgc agcagctaca ccttggggcac ccggctgcct300
gtgggtggtc gtgggccaac aaaagtgacc tgttgacat caaacagggt gaccctcagc360
ttggact 367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2621 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 45 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22


```

gggcctttgc cgccttggc ggccggctct acgttccctg ttctcgctg cagctccgcc 60
atggctccta aaggcagctc caaacagcag tctgaggagg acctgctcct gcaggatttc 120
agccgcaatc tctcggccaa gtcctccgcg ctcttcttcg gaaacgcgtt catcgtgtct 180
gccatcccca tctgggtata ctggcgaata tggcatatgg atcttattca gtctgctgtt 240
5 ttgtatagtg tgatgacctt agtaagcaca tatttggtag cctttgcata caagaatgtg 300
aaatttggtc tcaagcacao agtagcacag aagagggagg atgctgtttc caaagaagtg 360
actcgaaaac tttctgaagc tgataataga aagatgtctc ggaaggagaa agatgaaaga 420
atcttggtga agaagaatga agttgctgat tatgaagcta caacattttc catcttctat 480
aacaacactc tgttctgtgt cgtgggtcatt gttgcttctt tcttcataatt gaagaacttc 540
10 aacccacacag tgaactacat attgtccata agtgcttcat caggactcat cgccctcctg 600
tctactggct ccaaatagac catgtcagct tcacccctg gctttgtgtc tatgggtggc 660
ctgtggtata tggaaaagta gcagggtggt cagggtggga gacacaagat gtttttatag 720
tctagagcct ttaaaaaacc cagcagaatg taattcagta tttgtttatt ggctgttttt 780
tgacagattg ttgaaattaa atgaattgaa agggaaactc agagtactag gacgtttatt 840
15 aaaaggaaaa aaatgtcttg caatgtgctg taatcacaag aggagaaaaa aacttggttc 900
cttgatctgt cagaggtcac agtaacctgg gccgagctgt tattatttat tatataatag 960
tagtaggaag ttaataactg gttctctgtg ttccaagcac aatattacaa cttcttttga1020
accgtaaata tcagaatgaa tcctcttccc aggggattga acagaagctt aatgtttaca1080
agtgtttgaa tttgtgatct gaaataaacac aaaattaaaa acatgatttc tctaattttc1140
20 caactagagg aagagaaact tgtggaaaag ttcttttttt ttctgttttt tttcttaaag1200
aagggcagcc aaggtagtaa cctaaaaata gtgccaggc atatgagagt tgcctacga1260
ggttaaagaa cacactgttc cactgtatgg ctttggccct gagtggccag ggaggtcaac1320
ttgaccctgc catgttggtt tgacttacta agacacagga atcattgttt tccttgacca1380
gggtctcaca ccctggagga atgttaagta agagaaagaa cctcttctct gaatattgac1440
25 atgtaaaaga ccaaagtaat ttttctgaac ttctgcaatt ctgagaactc tccaaggaat1500
ttacagtgat tttagtgtt gtcagcattt ttccatgagg actttcatac atttgactct1560
ttagttcaca ggttcccatt gattgtgagc aagatattha tctcttttagc ctttggggat1620
ccagctgaga gcaatctctt gcattttttt acccgtgtat gtacagatat catttcttgt1680
gtatgccatg acttgaaaaa gtttgggaag ctcttttagca atatcagcta aaaggatatg1740
30 aaatcacagg tgatagcagt tgtcattcag taatttccta caagcagcac ccaaaggaa1800
atatagtcct aatctttact atccacttct aaatttaatt tgaatttcat acatgttatt1860
agttgttttc tttataattt tataaaaaatt attcatcggt agtttaactt ccacttccat1920
gctatcggat gtgttgggt ccatgcaaga acttggaaga aaaacaggca ggaatgcatt1980
tgcataatga cccagatcat cattttctgc aactgagaat tatatttcat cattgcttct2040
35 agaagtctgc aattctttac ttttcttttg tgcattatta tctaggtgcc atcactggat2100
aatgtggagt gactagagaa gtcacatata actgtaaggt acagttaggg taacacttta2160
gaggtttatt atttttaaaa aacttttctt gaactcctgg ccaacatggt gaaaccccg2220
ctctactaaa aataccaaaa ttagccaggc gtgatgggtg gtgcctgtaa tctcagctac2280
ttgggaggct gaagcaggag aactgcctga acccaggagg cagaggttgc agtgagtcga2340
40 gatcgtgcta ctactgcctg ggtggcaagg gtgagactcc atctcaaaaa agaaacaaaa2400
aaacccaaaa agttttcttt actgttggtt aaaaaaaaaa gccagaccat agtttgactg2460
gtggcatgga atttgtgtat caaataaatg catttgctta tttgacaaac aaaaagtgtc2520
cactattggt gaccgaggtg gggccgtttt tttgaaattg ggggggaaat ttgcccgtgg2580
gtgggagggc ctttgtgggg ggggaaaaat tgcccccttg g 2621

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2019 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

10

```
ctgtatccta atttcttgggt gaatgaactc attcttaaagc agaagcaaag atttgaggaa 60
aagaggttca aattggacca ctcaagttagt agcaccaatg gccacagggtg gcagatattt 120
caagattgggt tgggaactga ccaagataac cttgatttgg ccaatgtcaa tcttatgttg 180
gagttactag tgcagaagaa gaaacaactg gaagcagaat cacatgcagc ccaactacag 240
15 attcttatgg aattcctcaa ggttgcaaga agaaataaga gagagcaact ggaacagatc 300
cagaaggagc taagtgtttt ggaagaggat attaagagag tggagaaat gagtggctta 360
tactctcctg tcagttagga tagcacagtg cctcaatttg aagctccttc tccatcacac 420
agtagtatta ttgattccac agaatacagc caacctccag gtttcagtgg cagttctcag 480
acaaagaaac agccttggtg taatagcacg ttagcatcaa gacgaaaacg acttactgct 540
20 cattttgaag acttgaggca gtgttacttt tctacaagga tgtctcgtat ctcatatgac 600
agtcgaactg caagccagtt ggatgaattt caggaatgct tgtccaagtt tactcgatat 660
aattcagtag gacctttagc cacattgtca tatgctagt atctctataa tggttccagt 720
atagtctcta gtattgaatt tgaccgggat tgtgactatt ttgcgattgc tggagttaca 780
aagaagatta aagtctatga atatgacact gtcattccag atgcagtgga tattcattac 840
25 cctgagaatg aaatgacctg caattcgaaa atcagctgta tcagttggag tagttaccat 900
aagaacctgt tagctagcag tgattatgaa ggcactgtta ttttatggga tggattcaca 960
ggacagaggt caaaggctca tcaggagcat gagaagaggt gttggaggtg tgactttaat1020
ttgatggatc ctaaactcct ggcttcaggt tctgatgatg caaaagtga gctgtggtct1080
accaatctag acaactcagt ggcaagcatt gaggcaaagg ctaatgtgtg ctgtgttaaa1140
30 ttcagcccct cttccagata ccatttggct ttcggctgtg cagatcactg tgtccactac1200
tatgatcttc gtaacactaa acagccaatc atggtattca aaggacaccg taaagcagtc1260
tcttatgcaa agtttgtgag tggtagaggaa attgtctctg cctcaacaga cagtcagcta1320
aaactgtgga atgtagggaa accatactgc ctacgttcct tcaagggtca tatcaatgaa1380
aaaaactttg taggcctggc ttccaatgga gattatatag cttgtggaag tgaaaataac1440
35 tctctctacc tgtactataa aggactttct aagactttgc taacttttaa gtttgataca1500
gtcaaaagtg ttctcgacaa agaccgaaaa gaagatgata caaatgaatt tgttagtgtc1560
gtgtgctgga gggcactacc agatggggag tccaatgtgc tgattgctgc taacagtcag1620
ggtacaatta aggtgctaga attggtatga agggttaact caagtcaaat tgtacttgat1680
cctgctgaaa tacatctgca gctgacaatg agagaagaaa cagaaaatgt catgtgatgt1740
40 ctctcccaa agtcatcatg ggttttggat ttgttttgaa ttttttttct tttttttctt1800
ttccctcctt tatgaccttt gggacattgg gaataccag ccaactctcc accatcaatg1860
taactccatg gacattgctg ctcttggtgg tgttatctaa tttttgtgat agggaaacaa1920
attcttttga ataaaaataa ataacaaaac aataaaagtt tattgagcca caaaaaaaaaa1980
aaaaaaaaaa aaaaaagaaa agaagggagg agggaaagg 2019
```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1866 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
15  gtgggttgctg tgacaggcac tatttgaagt gctttatcat ggattaactc ttaatcctca 60
    gctaccgtat aaagtaggac ataaccccat ttcacatgca ctacactgag acttgcctcc 120
    tctcccccca cattgaagat gttctttttt cataactata tactattcca ttgcatgaat 180
    attctgtaat ttattttaat ccctatggat tgataattag gttcattata gatagaagtg 240
    taattaacat tcctgtacat gtattttgct acttgtgtgg gtatttctgt aggatgaata 300
    actagaaatt tattggatca ggtttcacat ttgcagtttt gaaaactact accaaaaaga 360
20  tttcaccaat ttacaactcc atcattagta agaatgcctg tttgcctata gtctgccaac 420
    cctgaatcct taaaaatttt tgccaatctg gtaggcaaaa tttctttctt ttctttgaat 480
    attaatgagg aggaacatct tttcatgttt cttggccatt tgcatttcct attatgaatt 540
    gcttttgccc attttccttt ttttaattat gaaagtctaa tgactacctt ctcattgtat 600
    aaaaaacaca gttctttgaa tagagagacc cttttctcca atgctaccaa tcacattcca 660
25  cttaccacag tttaacatac atcctctagt cacctttccg tacgaatata catacacata 720
    aaaacacttt ttacataaat aggatctcat attctgtagc tttttaaaat tttggtctca 780
    aaaaaagata acaggtcttt aaatttcttt aatggttgaa tatgattaaa tactatgaaa 840
    atgccattat ttattccctt aatttttttc ctctcgctat tacattgcca aagtaaakat 900
    cctattcaga tgtctttgtg catgtgtgtg aatatttctt tagtctggag tccagtaagg 960
30  tggatttttg gatcaaaggg tttgttctct gtccaccttc agtcttccca aaggccttca1020
    taactgtatt ttcaccaagt gtatggagaa tgttcatttc cccatataac catacctaca1080
    cttgatagtt tttatctgtt gggcgaaaaa gaaccttttc ttattttgca tttccctgat1140
    tataaaaaaa aatggtgaga ttgggggttat tttcatgttt attggccatt tatagtttac1200
    tgtggattgt ttgtatccct tacctgcttt ctattgggtt atgtgtggat atattgtttt1260
35  tatttgttca gcatctcctt ccccatcttc tggtaacaca acctttattt atttgtgggg1320
    aacctattcc ctgtggctta ggtgagcatg tgaccaggcc tggcctcctg agtcccacag1380
    cttcctagcc acagtgataa aagaatgggt atataactta agccaggcta aggaaagccc1440
    ttaacagaac ttctgctgga actactggaa agaaggcttt atggagatcc caggaacca1500
    ggaccatgta agcctgaatt tgtgccatgt ggagagagtc tgtctgagga gaaactcgga1560
40  tgctagcaga aatggaaaga gaactaagtt ctgatgtcat ttttctggag gccctagatc1620
    cagctgtgcc taaagcctgc cctacctccg gactttaaaag ttttgtgagc caataaagtc1680
    cttttcttgt ttaagataat tgaattgagt ttctgttctg attaataatag gttatttcta1740
    ttttcttatt gatttgtaga aaacctttgt aattttaaat tctagacttt atgcactata1800
    taagttaata aaattagcat ggccttccat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1860
45  aaaaaa 1866
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1189 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```
15 ctagcaagca ggtaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccgggggatgg 60
ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggtctt ctgtgccact 120
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240
aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtcggg 360
20 aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccctgcttct cttctgtcac 420
ccccgctcct ctcccccagg aggtccttg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480
tctgactgtc cttgacttct agaatggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
25 atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780
aaaaagctga actgcaaatc tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
30 ctaggttaag gaaggagata aatgaggaaa aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020
tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaggac tggagaaagt acagttctgt 1080
cttcaatacc tctgccatca gatgacttta aaaggccag gagtaaaagt ttatgatgat 1140
gggcaaaagt ccagtgtatt cagtaaagtg ctaatcacaa gttggaggt 1189
```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```
5  gagctcgcag ctccgccggc gcctgggtccc agcgcccgcg gcgcccgcgtc cccggcccaa 60
   ccatggcgctc ctccgcggcc ggctgcgtgg tgatcggttg cagtggagtc attgggcgaa 120
   gtgggccatg ctgtttgcca gtggaggcct ccagggtgaaa ctctatgaca ttgagcaaca 180
   gcagataaag aacgccctgg aaaacatcag aaaggagatg aagttgctgg agcaggcagg 240
   ttctctgaaa ggctccctga gtgtggaaga gcagctgtca ctcatcagtg gttgtcccaa 300
10  tatccaagaa gcagtagagg gtgccatgca cattcaggaa tgtgttccag aagatctaga 360
   actgaagaag aagatttttg ctcatgtaga ttccatcatt gatgatcgag tgatcttaag 420
   cagttccact tcttgtctca tgccttccaa gttgtttgct ggcttggtcc atgtgaagca 480
   atgcatcgtg gctcatcctg tgaatccgcc atactacatc ccgctggttg agctgggtccc 540
   ccaccgcggag acggccccta cgacagtggg cagaacccac gccctgatga agaagattgg 600
15  acagtgcccc atgcgagtcg agaaggaggt ggccggcttc gttctgaacc gcctgcaata 660
   tgcaatcatc agcgaggcct ggccggctagt ggagggaagga atcgtgtctc ctagtgacct 720
   ggaccttgct atgtcagaag ggttgggcat gcggtatgca ttcattggac ccctggaaac 780
   catgcatctc aatgcagaag gtatgttaag ctactgcgac agatacagcg aaggcataaa 840
   acatgtccta cagacttttg gaccatttcc agagttttcc agggccactg ctgagaaggt 900
20  taaccaggac atgtgcatga aggtccctga tgaccgcggag cacttagctg ccaggaggca 960
   gtggaggggac gagtgccctc tgagactcgc caagttgaag agtcaagtgc agccccagtg 1020
   aatttcttgt aatgcagctt ccactcctct cattggaggc cctatttggg aacactgcaal 1080
   gcccttaatc agccctctgt gacataggta gcagcccacg gagatcctaa gctggctgtcl 1140
   ttgtgtgcag cctgagtggt gtgggtgcagg ccggtagtct gcccgctact ttggatcata 1200
25  gccctgggcc tggcggcaca gcagcacttg cgttctcggg gctgtcgatt tcctgccacc 1260
   tgggcagata acctggagat tttcaccttt tctttttcag cttgattgca tttgagtatg 1320
   atttgacagc cagtgattgt agttttcatg ttaatatgtg ggcaaaatat ttttgtaatt 1380
   atttttgtaa tccctttctg agtaatctgg gggtcctt 1418
```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```
55  gcagcaacgg ggtgcggcag ggtggggaac gcgggagggg gccagctccc aggaaagctg 60
   gtctgcgagc ggccccctgcc cggctcccag gtccctgcgc gaccccgccc ttcccagagac 120
```

```

cccagccggg ctgccgcccg cgtcccggaa gctccagcct gaaccatggt tttcacttgt180
ggcccaaagt aggccatggt ggtctccggg ttctgccgaa gccccccagt catggtggct240
ggagggcgtg tctttgtcct gccctgcatc caacagatcc agaggatctc tctcaacaca300
ctgaccctca atgtcaagag tgaaaagggt tacactcgcc atgggggtccc catctcagtc360
5 actggcattg cccaggtgaa gctttcagag ccttttcccc acagtccact tccccatcac420
cctctctccc agacattaag acatcttctg gccacagtct tctcaaccct tgcctgcaga480
gaagttcctc tgctagtctc atcttttcca ggcaccccaa ggcacttgcc tcctcctcct540
ttctttccct gaaatggaag aagcatttct gagaggggtc tcccttctct ctctgctttt600
cctctgactt catgagaccc ccaccacacc ttctctaccc ctactctggc tacaggtaaa660
10 aatccagggg cagaacaagg agatgttggc ggccgcctgt cagatgttgc tggggaagac720
ggaggctgag attgccca ca ttgccctgga gacgttagag ggccaccaga gggccatcat780
ggcccacatg acttgtggga gggttgggct taga 814

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3039 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

gaactgagat attgtaatca aatagttaac atcaggaagt taatttggct ggcaaaattc 60
40 tagggaaact tggccagaaa actggtgttg aaggcttttg ctcataataa caagtgccat 120
tgagtttcaa atgaccagca aatatattta gaacccttcc tgttttatgt ctgtacctcg 180
tccaccctc aggtaatacc tgcctctcac aggtacagct gtttcttgga aatcctccaa 240
ccaaatagca gttttcctaa cttgattagc ttgagctgac agactgttag aatacagttc 300
tctggccaca gctgatgagg gctttctgta ctgcacacag attgtgtact gcacccagc 360
45 ccagggtgact ggtacccact cgagttgtgc cgtgcaaaac ctgtccagta tatgcatgtg 420
gtggccctac tgactggtaa tggtagagg catttatgga ttttaagctt tgaggaaaaa 480
ccatgacttt taacaaattt ttatgggtta tatgcctaaa cccttatgcc acatagtgg 540
aaataattat gaaaaatggg ctgttcataa ttggtaggtg ccttttgtga gcaggagca 600
taattattgg tttattatgg taattatgg gattttttaa atatcatgta atgttaaaac 660
50 gttttctaac agtttactgt tgcttatctc caagatatta tggaattaag aatttttcca 720
gatgagtgtt acatagattc tttgaattta gtataaaagt actgagaatt aagtttgtac 780
ttccataagc ttggatttta aacactgata gtatctcatg agtaatgtgt gttttgggag 840
agggagggat gctgattgat atttcacatt gtatgaaata ccatgtttga aactcatagc 900
aataatgcta tgctgttgtg atccctctca agttctgcat ttaaaatata ttttttcttt 960
55 ataggaattg atgtatacca tgaagtcatt gtcagttgta gtagctctga tgttgaatga1020
gatatcatgt tttagcattc cattttactg actagggtag aagaacactt ttcttggcta1080
catttggagg ataccaggg agtcttgggt gttccttata tggggaagca aacatttcac1140

```

```

tagtctcttt ttttcatcct ttaaattgta aattaaggat tactcaagct caccattatt1200
caagattggg actcgcttcc cagtcgacac tctgccctgc ctgtcattgc tgcaaagagc1260
tgctgctttg ccaacctaaag caaagaaaat acggcttctc ttgcattatt ttcccttttg1320
gttggtttgt tttctagaag tacgttcaga tgctttgggg aatgcaatgt atgatttgct1380
5 agctctctca ccacttaact cactgtgagg ataaatatgc atgctttttg taattaactg1440
gtgctttgaa aatctttttt aaggggagaaa aatctcaacc aaagttatgc tcatccagac1500
aagctgacct ttgagttaat ttcagcacia ctcattcttc agtgcctcat gactgaaaac1560
aaaaacaaa aaaacgaaag catcttcaca atgaagcttc cagatagcac cgttttgcta1620
aaagatacat tctcattgtt ttccaacagt gatggcttcc acataagggt aaacaaacta1680
10 ggtgcttgta aataatttat tacagtttac tctatcgcat ttctgtaaca tgaaatgcat1740
gcccttcttc aggggaagac tgtggtcaag ttaaaaaaaa aaaacaatat taaacaacat1800
gaaactgcag tctgtttttg aaaatgagaa tgtcctaagt gattcagaag agaggaggga1860
agttgtgcac tctgaaaatg catgaaaaac aaaggcaaaa actagtggga aatgtgtaga1920
actgttaact gagacggctt cgagtcttcc ttctggaatc tgttaaattt caciaagtca1980
15 tgagggtaaa tggagaaaat atttctggga ttacaatgaa tgtaagccca aattgtggaa2040
ttgccagtaa cctggatggg gaaaagcatt tcccatagca ctccatgtaa tatgagtgtc2100
ctgtgagatg ttcatcagt ttttatagaa atggtgttgc tgggaaacca agtttgcacc2160
tggaactta caatgcact tagcgcagta agggcttggc atccggtagt gaaaaactgt2220
ctaaccagc attgcccaa ctattttgac accaggacct ttttctcctt tgggatactt2280
20 atgaacctct cactaatgtc ctgtggagaa cattttggga aacactatgt tagatagttc2340
tttaaggaga caaacggta atgaacagat agcactgggg cagaatatgc atgcattttg2400
taacgtccag tgtggcgttg aatagatgtg tatttctctc cctgcagaaa ataagcacag2460
aaaattataa tgtaggtgat cggagctctt tcctttgata gagagaacag cccaatgat2520
cctggctttt tcaactgaac tatcagaata catggatgaa ttggggtaaa taagggttta2580
25 attcagatct agaagaaagt attgtacgt tgaatgcaga tttttatcca cagatagttg2640
tagtgtttag acatgacagg acctatcgt gaggtttcta agacttacta tgggctgtaa2700
acctgttttt taaaactatt ttagaaaacct gagacttggc gtctggcatt ttagtttaat2760
acaaactaat gattgcattt gaaagagatt cttgacctta tttctaaacg tctagagctc2820
tgaaatgtct tgatggaagg tattaacta tttgcctgt gtacaaagaa atgttaagac2880
30 tcgtgaaaag aattactata aggtactgtg aaataactgc gatattgtga gcaaaacata2940
cttggaatg ctgattgatt tttatgcttg ttagtgtatt gcaagaaaca cagaaaatgt3000
agttttgttt taataaacca aaaattgaac ataaaaacc 3039

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1448 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29


```

taccaatctg aagggggaag cggcgccgcc atcgccctccc ggcgctccct ccccgactcc 60
taagtccttc ggccgccacc atgtccgcct cggctgtctt cattctggac gttaagggca 120
agccattgat cagccgcaac tacaagggcg atgtggccat gagcaagatt gagcacttca 180
5 tgcctttgct ggtacacggg gaggaggaag gcgccttgcc cccgctgctg agccacggcc 240
aggtccactt cctatggatc aaacacagca acctctactt ggtggccacc acatcgaaga 300
atgccaatgc ctccctgggtg tactccttcc tgtataagac aatagaggta ttctgcgaat 360
acttcaagga gctggaggag gagagcatcc gggacaactt tgtcatcgtc tacgagttgc 420
tggaacgagct catggacttt ggcttcccgc agaccaccga cagcaagatc ctgcaggagt 480
10 acatcactca gcagagcaac aagctggaga cgggcaagtc acgggtgccca cccactgtca 540
ccaacgctgt gtcctggcgc tccgagggta tcaagtataa gaagaacgag gtcttcattg 600
atgtcataga gtctgtcaac ctgctgggtca atgccaacgg cagcgtcctt ctgagcgaaa 660
tcgtcggtac catcaagctc aaggtgtttc tgtcaggaat gccagagctg cggctgggcc 720
tcaatgaccg cgtgctcttc gagctcactg gccgcagcaa gaacaaatca gtagagctgg 780
15 aggatgtaaa attccaccag tgcgtgcggc tctctcgctt tgacaacgac cgcaccatct 840
ccttcacccc gcctgatggg gactttgagc tcatgtcata ccgcctcagc acccagggtca 900
agccactgat ctggattgag tctgtcattg agaagttctc ccacagccgc gtggagatca 960
tggtcaaggc caaggggcag tttaagaaac agtcagtggc caacggtgtg gagatatctg 1020
tgctgtacc cagcgatgcc gactccccca gattcaagac cagtgtgggc agcgccaagt 1080
20 atgtgccgga gagaaacgtc gtgatttggg gtattaagtc tttcccgggg ggcaaggagt 1140
acttgatgcg agcccacttt ggccctcccc gtgtggaaaa ggaagagggt gagggccggc 1200
cccccatcgg ggtcaagttt gagatcccct acttcaccgt ctctgggatc caggtccgat 1260
acatgaagat cattgagaaa agtgggttacc agggccctgc cctgggggtt cgctacattc 1320
accagagtg ggcgattacc aactttcgtt accagctagg aaggggagaa gagatggggg 1380
25 ggttttaaca cgggggttgc ttacagccc cggatgcaga tttttagaag ggagggcagg 1440
tgcgggtt
1448

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1394 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

55

```

atgaatacaa ggctgcaagt ggaacatcct gttactgaga tgatcacagg aactgacttg 60
gtggagtggc agcttagaat tgcagcagga gagaagattc ctttgagcca ggaagaaata 120
actctgcagg gccatgcctt cgaagctaga atatatgcag aagatcctag caataacttc 180
atgcctgtgg caggcccatt agtgcacctc tctactcctc gagcagaccc ttccaccagg 240
attgaaactg gagtacggca aggagacgaa gtttccgtgc attatgaccc catgattgcg 300

```

5 aagtgggtcg tgtgggcagc agatcgccag gcggcattga caaaactgag gtacagcctt 360
cgtcagtaga atattgttgg actgcccacc aacattgact tcttactcaa cctgtctggc 420
caccagaggt ttgaagctgg gaacgtgcac actgatttca tccctcaaca ccacaaacag 480
ttgttgctca gtcggaaggc tgcagccaaa gagtctttat gccaggcagc cctgggtctc 540
atcctcaagg agaaagccat gaccgacact ttcactcttc aggcacatga tcaattctct 600
ccattttcgt ctagcagtgg aagaagactg aatatctcgt ataccagaaa catgactctt 660
aaagatggta aaaacaatgt agccatagct gtaacgtata accatgatgg gtcttatagc 720
atgcagattg aagataaaac tttccaagtc cttggtaatc tttacagcga gggagactgc 780
acttacctga aatgttctgt taatggagtt gctagtaaag cgaagtgatt atcctggaaa 840
10 acactattta cctattttcc aaggaaggaa gtattgagat tgacattcca gtccccaat 900
acttatcttc tgtgagctca caagaaactc agggcgcccc cttagctcct atgactggaa 960
ccattgaaaa ggtgtttgtc aaagctggag acaaagtga agcgggagat tccctcatgg1020
ttatgatcgc catgaagatg gagcatacca taaagtctcc aaaggatggc acagtaaaga1080
aagtgttcta cagagaagggt gctcaggcca acagacacac tccttttagtc gagtttgagg1140
15 aggaagaatc agacaaaagg gaatcggaat aaactccagc aaggaaatgg ccagttaagt1200
agtgtcttct ctctccacca aaaagaggaa gtgcctccag cttttctggg ggtctcataa1260
agagcagttt tactaaatga ttgtatgctt atgctgaaca cctttcatat tggagaatca1320
tgcatttggg tcactaatta tctcaaaata tttcatacta ataaagttga attatttttt1380
attggaagcc aaaa 1394

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 734Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

45 gccgacaaga tgttcttget gcctcttccg gctgcggggc gagtagtcgt ccgacgtctg 60
gccgtgagac gtttcggggag ccggagtctc tccaccgcag acatgacgaa gggccttggt120
ttaggaatct attccaaaga aaaagaagat gatgtgccac agttcacaag tgcaggagag180
aattttgata aattgttagc tggaaagctg agagagactt tgaacatata tggaccacct240
ctgaaggcag ggaagactcg aaccttttat ggtctgcata aggacttccc cagcgtggtg300
50 ctagttggcc tcggcaaaaa ggcagctgga atcgacgaac aggaaaactg gcatgaaggc360
aaagaaaaca tcagagctgc tgttgacgag ggggtgcaggc agattcaaga cctggagctc420
tcgtctgtgg aggtggatcc ctgtggagac gctcaggctg ctgcggaggg agcgggtgctt480
ggctctctatg aatacgatga cctaaagcaa aaaaagaaga tggctgtgtc ggcaaagctc540
tatggaagtg gggatcagga ggcctggcag aaaggagtcc tgtttgcttc tgggcaagaa600
55 cttgggcacg ccaatttgat gggagacgcc agccaattga gattgacgcc aaccagattt660
tgccgaaatt atttgagaag attttcaaaa ttggtagtta gttaaaaccg aggtcctttt720
cagaccccaa tttt 734

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 692 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

25 tgcagcgcgt gcggtgctgcg ctactgagca gcgccatgga ggactctgaa gcactgggct 60
 tcgaacacat gggcctcgat ccccggtctc ttcaggctgt caccgatctg ggctggtcgc 120
 gacctacgt gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaaggaag gacctcctgg 180
 ctcgggcccg cacgggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt 240
 30 tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtgg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg 300
 ttcctaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact 360
 gtgctcggga tgtccgagtg gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag 420
 ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact 480
 tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttgggtggtg gacgaagctg 540
 35 accttctttt ttcccttttg ctttgaagaa gagctcaaga agtcttcctc tggtcacttt 600
 gccccggat tttaacaagg cttttctcat gtcagctact tttaacgagg acgtacaagc 660
 actcaaggag ctgatattac ataagccggt at 692

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 571 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

10

```
ctgccacgca cgactgaaca cagacagcag ccgcctcgcc atgaagctgc tgatgggcct 60
catgctggcg gccctcctcc tgcactgcta tgcagattct ggctgcaaac tcctggaggal20
catggttgaa aagaccatca attccgacat atctatacct gaatacaaag agcttcttcal80
agagttcata gacagtgatg ccgctgcaga ggctatgggg aaattcaagc agtgtttcct240
caaccagtca catagaactc tgaaaaactt tggactgatg atgcatacag tgtacgacag300
catttggtgt aatatgaaga gtaattaact ttaccaagg cgtttggctc agagggctac360
agactatggc cagaactcat ctgttgattg ctagaaacca cttttctttc ttgtgttgctc420
tttttatgtg gaaactgcta gacaactgtt gaaacctcaa attcatttcc atttcaataa480
actaactgca aatcacaaaa aaaaaaaaaa gtcgacg 517
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 322 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

45

```
tcaagctgtg ggtgagaagc tctctagcag ggactctgac cttatggagg atcgctgttt 60
cccccathtt tcctttttcac ccaaaaaagt cctgcttctg tcacccttca aacagcctgt120
gagcctaaat ttttgtggcc atgggacaga caaggacccc gtcttcagct gaactaagga180
aaagtcctgc gacatctttg gccatcaaac tccaaccagc tcaccaacc agagcctctg240
aggaatggcc ccttcttgcg gggaaccctt tacaatgggc ctcttgactg atgtttcccc300
aaaacagtgc ccctgtcatc ag 322
```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1559 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```
gcacgagttg agagtgagtg tgtgtgtgtg cgtgtgcacg tgcacacatg tgcacggttg 60
tatgtatggg aaataaactt ataaatgggg acgtattgga gaaggaaata catagaccta 120
caactttgag caaatagcag tgatgtttta ggaactgaaa tgtcacactt aaagtcttca 180
gcccagctac ttccctattt ttggcgggga gaagagggcc tgattagaac tgttctgggt 240
gtgtttggcg ggagggaat aatttttgtt cagtccttct tagtgaccaa actttaattt 300
ttaagaataa tatattgact tactgaactg aagcattctg agttgaaagg agctccagag 360
gagtggagtt ctgtgttgct cacatgttaa aagcttgctc accttcagag cagagggaat 420
acctatcttc agatatccgc ccattttcat ctcttcatta tagtcaaaca gtgtgacttg 480
agagtgttgc tctggtgtct gtattctggc ttatgaagat tatttgaaaa agaactctta 540
ctacattgaa atgcagactt ttaaaaattt aaatattgga ttaggcagtc aaaaaaccaa 600
acaagcataa aaggtcaata agttgtaatc ttaaaagtaa aggtggaaaa ctcatataa 660
atggaagaaa agttttgatt tccttttttg tttgatgggc agtatgccat attataccca 720
aagttctttt aaaaaatatt tccatcaacc atttttattt aaaataaaca tttgagggaa 780
gttaccaagg cagctttttt cctcaaaagt aacctgttcc tctttggaat agcacatttt 840
aggggcatgg ttaataacctg agatttttac tcagtaaadc ctgatggtta ctgtgtgtaa 900
aatatcttta agtaggattg aaggcctctg tgggggaata aaatattacc aaagtctata 960
aaaataaatt ttacatgttc tcttttatga cagagagcag cactggttct gttattttta1020
aatgaataa ttgatttctt gataggtgtt taatatttct tccctcactg ctgattctta1080
gatagaaacc attctttata tttgatagac tgctttcaga aaacccttat caacaagtgt1140
acaatactta tctaaaacta tacatttaga atggagcagt ttaatactag atctcagaag1200
ttttgaaaaa tagcaaagaa gactggattt ggaaagcatg gtctacaatt ggttgtaaa1260
ttctgaagct atgaagaata aatgtttcaa ctttgatta tgaaacccca tttatgattt1320
tttaaataca cttgaaataa aaatgattaa actaaatttt ggtccagtga cttactttg1380
cactgcataa tccattatac gttgtacgac tttttttttt ggtttgaatt aataactgag1440
agttttgtgt gaagctacgg catatctaac cggagaattt cggatgcctt atacggtgat1500
tatattatat gggggcattt gtagtgcagc ggaagacgga atttatgcct ttgggaaac 1559
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1072 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```
20  cacacgtgct gacggcgggg acattcacat ccataagaag aaatctcagc aagtgttcgc 60
    gtccccagc aaacacccca tggacagcaa gggggaggag tccaagatca gctaccccaa 120
    catcttcttc atgattgaca gcttcgagga ggtgttcagc gacatgaccg tagggaagga 180
    gagatggtct gtgtggagct ggtggctagt gacaaaacca acacgttcca ggggggtcatc 240
    tttcagggtc ccatccgcta cgaggcgctc aagaagggtg atgacaaccg ggtgagcgtg 300
    gccgcccgc tggcacagaa gatgtcggtt ggcttctaca agtacagcaa catggagtgt 360
25  gtgcgcatga agggcccca gggcaagggc cagcccgaga tggcggtcag ccgagtgtct 420
    acaggtgaca cagccccctg tgggactgaa gaggactcca gccagcttc gcccatgcac 480
    gagcgggtga cctccttcag cagaccccc accccagaac ggaacaaccg gcctgccttc 540
    ttctcccat ccctcaagag gaaggtgccc cggaaccgga tcgctgagat gaagaagtcg 600
    cactcggcca acgacagcga ggagtcttc cgaggagacg acggtggagc cgatctgcac 660
30  aatgcaacca acctgcggtc tcggtccctg tcgggcacag gacggtccct ggtcgggtcc 720
    tggctgaagc tgaacagagc agatggaaac ttccttctct atgcacactt aacctacgtc 780
    acgttgccgc tgcacggat tttaacagac atcctggaag ttcggcagaa gcccatcctg 840
    atgacctagc cgcgtgcgga gcctgcgcag agccccggcc gggcccagcc ctcgagtgac 900
    tgccaagtgc ctacctgtcc accgccaccg ggtctgcga tggcacgcca gtgttgagc 960
35  cgcagccagg cgaggccact cgactgccgg ggcgggggcc gactgcacga acaccagccc 1020
    aaactgaagt gcctctgacg ggccctgctg gcgctgcttc cgccctgtgc cc 1072
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 454 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

gtgctgcatg gagtgagtgg cggcatccac cgtgaggagg agaggagctc tgataccctc 60
aggacccgcc aggaggggca tcacggaggc ttctggacga cttggagctg tgcctgggg120
10 agaaaaccgc tcctgtgtgg gccctgagtg ctgaggagga agctgccatg cacttttccc180
tggcattttt cctgcatggg tcgtctgttt ttttgcaaat aacatgttgt catgaatttt240
tatgcatgag gcatatttca tcatgtctgt atgctgaagt ccccttcac ctttcaattg300
gttggtggac aggagagaga ggtccaaggt gccctacac gtgcgccagt gccgtgggag360
gagatcgagc gccgaggcac ggaggagggt ggcacctacc gcatgtctgg ggtggccgca420
15 gacatccagg cactgaaggc agccttcaac gtca 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 700 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

40

cttgctggag ccctaaccag gggatatctt gagcctggtg ggatccccgg agcgtcacat 60
cactttccga tcacttcaaa gtggttaaaa actaatattt atatgacaga agaaaaagat120
gtcattccgt aaagtaaaca tcatcatctt ggtcctggct gttgctctct tcttactgg180
tttgacccat aacttcctca gcttgagcag tttgttaagg aatgagggtta cagattcagg240
45 aattgtaggg cctcaaccta tagactttgt cccaaatgct ctccgacatg cagtagatgg300
gagacaagag gagattcctg tggatcatgc tgcacatgaa gacaggcttg ggggggccat360
tgcagctata aacagcattc agcacaacac tcgctccaat gtgattttct acattgttac420
tctcaacaat acagcagacc atctccgggc ctggctcaac agtgattccc tgaaaagcat480
cagatacaaa attgtcaatt ttgaccctaa acttttgtaa ggaaaagtaa aggaggatcc540
50 tgaccagggg gaatccatga aacctttaac ctttgcaagg ttctacttgc caattctggg600
ttcccagcgg caaaggaagg cccgtttaca tggggttgat gatgttattt gtggcagggtg660
ggattttttg ccctttacat tacagcagtg aggccggggc 700

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```
25  ccggcctgcg gtgggcagca gctcagggtc tccaaatcat tgcgtagttc cgaataccct 60
    cggccacacc tggccttctc catgctcgga ataacttctt gcagcgacca acaggctaaa120
    gagggggaag ggatccagca ccggctcctc ctccggcaac cacggtggga gcggcggagg180
    aaatggacat aaaccgggt gtgaaaagcc agggaaatgaa gcccgcggga gcgggaaatc240
    tgggattcag ggcttcagag gacagggagt ttccagcaac atgagggaaa taagcaaaga300
30  gggcaatcgc ctcttgag gctctggaga caattatcgg gggcaagggt cgagctgggg360
    cagtggagga ggtgacgctg ttgggtggagt caatactgtg aactctgaga cgtctcctgg420
    gatgtttaac tttgacactt tctggaagaa ttttaaatacc aagctgggtt tcatcaactg480
    ggatgccata aacaagaacc aggtcccgcc cccagcacc cgagccctcc tctacttcag540
    ccgactctgg gaggtttca aacagaacac tcctttcctc aactggaaag caattattga600
35  ggggtgcggac gcgtcatcac tgcagaaacg tgcaggcaga gccgagtcag aactacaatt660
    acaaccagca tgcgtatccc actgcctatg gtgggaagta ctcagtcaag acccctgcaa720
    agggggggag tctcaccttc ttctcgggt tccgggtgc aacctgggcc tgcttgcaagt780
    tgggtgaagt tttggtaagg caatttcttg caaccaacca ccgaaggccc cggaaaaagc840
    actgggttcg tcaagggaag ctcttcccc ctttggggcc cccagccttg tggcaggccc900
40  ctgggcccgg gttg                                     914
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```
gagctgcagc agagcaggta acagctcttg cacctgtttc tcttgcacct gacgtgcagc 60
tgctcctacc cacctctcct ggctgagcct tgcttgatac agcagcccgaggcaccact 120
15 tgcttcccga gtctcaccct cccaggcagc tcctacactc aactgcttct ctaggaaagg 180
tctcacctcc agcctggagc agtcgggatt acagaaagcc ccatccttgg cttagggagc 240
gccatgacga ctgaaattgg ttggtggaag ctgactttcc tccggaaaaa gaaatccact 300
cccaaagtgc tgtatgagat ccctgacacc tatgcccaaa cagagggaga tgcagaacct 360
ccgaggcctg acgctggagg cccaacagc gactttaaca cccgcctgga gaagattgtg 420
20 gacaagagca caaagggcaa gcacgtcaag gtctccaact caggacgctt caaggagaag 480
aagaaagtga gagccacgct ggcagagaac cctaacctct ttgatgatca cgaggaagga 540
cggatcatcaa agtgaagggc tgaggagggt gctagcacct cttggctccc tgccatcagc 600
cagatctgag acaggacctt gccacgctgg cctctttggc catagctgaa gctgtggggc 660
cagttgatac ctgctggcag gaaatggctg ttttttaggt ttgtatttat gtgccgccac 720
25 ttttgtaagg cctgggagat cccagggtcc tccaccctcc ccctgaccac atacaaaggc 780
actctagttc aagagtgaag agtctcaccc aggaggaaca gccctccttg aagcaatggc 840
agggccagca gggagggtgg catggcaggg aatggagaga gtgagccaga cagacttcac 900
ctccttactg gacacagggt caagggcgag tttcaattgc tgctcccttt actttctcta 960
cctgtgacta ctccctggac caatcctgag gagggcacat tttccagaag ccacgtgata 1020
30 ggggctggtt tctgtggagc cagaggcaga gacactgaac ttgagctcac ctccctaacac 1080
cggcagtaaa cttcctggaa ctttgccctc aggtgcggag gggacagagg accctggcac 1140
tctgttaggg tgctgtagaa gactagattg atggtagttt ggcctgtagg ttccctgttt 1200
ggccatgact tttgcagatg gcaagtcaca caccctcaaa gggaagctac acgggccaaa 1260
tcgggggaggt ggggtggggaa ttttctcctc tccctttcct actataatag tatttaagac 1320
35 atatcagctc cagagatgag tcctggagcc ttgaattttg ttttaacaaa taattgtagg 1380
tttctctctg taataacaac gctggaaagg cagagaacct cttttatgct catgtcttgc 1440
atattattgag atgactgttt ctcatgcctt tatgttcctt catgtaagta aagtggacct 1500
ttgtgctcaa aaaaaaatt tcaagcttca ggaagggtt cccaagggtg gacaatgtag 1560
gaacctgggt cactaat taccatcaaa cctagcctta gtatggggat ggggcaagca 1620
40 gaaggagcta gttacacctc agtggtcagt tctctccagt caacagaga 1669
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 355 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```
10 ccggcctccc ctcgctctga ggctcggggg cccagctcc gcgtaaactg cagcatttcg 60
ccctctgctc agtccccctc tgccccctct ttccaagaga gacttccaga tcccacattt120
tcttgactga ttttgaagct gtctgtttgc attctgattg ggaacactgg gatcattttc180
atcatgccga cagtgggtgg aatggatgta tccctttcca tgacccgacc tgtgtctatt240
gaggggtccg aggaatacca gcgtaagacc tagcagccca tggtttaacg atgcttggtt300
15 tgagcacatg gccacaaatt acaagcttga atttacagca cttgtggttt tttca 355
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2628 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42

```
40 ggggtgcgcct gctttcgcgc tcctttctcca gcgggagggg cgcggacttc cgcggggcgg 60
agtccgtcta gtgctgacgt tggcagccga acccaaagta gatcgaggcg gcgggctgca 120
cattcccgtt gttgcgttgc gtttctctcc tctttcactc cgcgctcacg gcggcgcca 180
aagcggcggc gacggcgggc cgagaacgac ccggcgcca gttctcttcc tcctgcgcac 240
45 ctgccctgct cggtcagtca gtcggcgggc ggcggccggc ttgtgctcag acctcgcgct 300
tgccggcgccc agggccagcg gccgtagcta gcgtctggcc tgagaacctc ggcgctccgg 360
cggcgcgggc accacgagcc gagcctcgca gcggctccag aggaggcagg cgagtgagcg 420
agtccgaggg gtggccgggg caggtggtgg cgcgcgcaag atggtcgcca agcaaaggat 480
ccgtatggcc aacgagaagc acagcaagaa catcacccag cgcggcaacg tcgccaagac 540
50 ctcgagaaat gccccgaag agaaggcgct tgtaggacct tggttattgg ctctcttcat 600
ttttgttgct tgtggttctg caattttcca gattattcaa agtatcagga tgggcatgtg 660
aagtgactga ccttaagatg tttccattct cctgtgaatt ttaacttgaa ctcatcctg 720
atgtttgata ccctgggtga aaacaattca gtaaagcatc ctgcctcaga atgactttcc 780
tatcatgctt catgtgtcat tccaagggtt cttcatgagt cattccaagt tttctagtcc 840
```

```

ataccacagt gccttgcaaa aaacaccaca tgaataaagc aataaaattt gattgttaag 900
atacagtagt ggaccctact tattcagtca attaagagta agttttttta tgtgggttatt 960
aaaacagtat gaacaattag tctaactctg catagacagg gtctagattt tgtaaccca1020
aatgtataac tgcagtttagc ttaaattaca atttgaagtc ttgtggtttt tatatagcta1080
5 ggcactttat tactcttttg aactgaaagc acactccctt atagggttcat gtaactgtcc1140
tgtaataagg tgcttataaa tggaacaact acacagccta gttttgccac aacctttagc1200
atctaaaaag ttttaaaagc ttctaaatgt ctaataataa gggagatgct tatagccaca1260
acatctattt taccaatatt gtttccatta cactaccttg gattttgcat gagtgagtat1320
agtaacccaa gatgccataa aaaaaaactt gatcgttttc tgacttaatc agttactgtg1380
10 gtttcactaa aagctaccgt ggtggagtga agtcagtcag ggaaggtttg tttatgttac1440
atttatttca ccagaactat tttaatatat caaaggggtt tactatgcca aacaaaattc1500
tagggaaaaa tactgctaaa aatggatgcc tcatcagaac atgctgttga gtccaatgtg1560
ccataagaca ttttagcatg ttaaatagca cttttaatag caaaaaaagg cacatcaact1620
gcgaagttaa ccttagtttg caaatgcttt ttctagatta atgatttttc aatcattagg1680
15 gtactagaca catcagccta aagtggcatc tggaattgaa tggatttact gataatgatc1740
agtcttttagt cttccctttg ttatatgact ttataggtta tgattgatca aatttacgtt1800
ttactaatgg taagggtgag ggtcataggg caggtttttg gttttctagt actgttgaaa1860
actgcaagta ttggctatth gtatacttag ccataacttg gtgaaaaaaa acctgagcag1920
tgtctatgta ttaatgcgtt ggaaagaaag ctgcttgtgt ttgctttgtt aattgcctca1980
20 ggatatttct tttaaaataa gctgttttaa gaggaacaga agggaaatct gctacctagt2040
ctatacacag cgtgaacctc acaggggggt tctgataccc tcaaaccatgg agaacagtaa2100
gggagcagag tgggttaagga ctttcaggaa ctttaactatt ctggaataag gaatgaatca2160
actgaccttg ggccagcagg tttttaacta aattgttact tgcctttctc acccagttaa2220
tcagtctctg tacttgtttc cttttttgaa acaagtgtct tgggttaacta attctgtttt2280
25 atggttgtgc taaattcata gcagggtgct tattctttgc ttttagtcaa accattccat2340
atcagaattt tccttggttt actatagata tttggcttta agttgttggt tgtgtttttt2400
aatgtacaat gttctgataa atttgactgt taaattgcta tagctagcaa tcattttaca2460
tatgtaaaat tgcattccct ttgtatttca tgtgtaattc accaattaag tgcagtttat2520
attcagggtg gattatgcat gtttaggtaa acgaaagctg tgtcttactt gatttattct2580
30 ttaaaaataa agttccctga atatttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2628

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2535 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

55

```

agttcggcac agggggagga acctggccct gggaggaggc tgttgctgct tcctacagaa 60
tcccgttctg aagggaagag catgtttgct ggcgtcccca ccatgcgtga gagctcccc 120

```



```
aaacagtaca tgcagctcgg aggcagggtc ttgctgggtc tgatgttcat gaccctcctt 180
cactttgacg ccagcttctt ttctattgtc cagaacatcg tgggcacagc tctgatgatt 240
ttagtggtcca ttggttttaa aaccaagctg gctgctttga ctcttggtgt gtggctcttt 300
gccatcaacg tatatttcaa cgccttctgg accattccag tctacaagcc catgcatgac 360
5 ttcctgaaat acgacttctt ccagaccatg tcggtgattg ggggcttgct cctggtggtg 420
gccctggggc ctgggggtgt ctccatggat gagaagaaga aggagtggta acagtcacag 480
atccctacct gcctggctaa gaccctgggc cgtcaaggac tgggtcgggg tggattcaac 540
aaaactgcc a gcttttatgt atcctcttcc ctccccctcc cttggtaaag gcacagatgt 600
tttgagaact ttatttgcag agacacctga gaatcgatgg ctcatgtctg tctggagcca 660
10 cagtctggcg tctgaccctt cagtgcaggc cagcctggca gctggaagcc tccccacgc 720
cgaggctttg gagtgaacag cccgcttggc tgtggcatct cagtcctatt tttgagtttt 780
tttggtggggg tacaggaggg ggccttcaag ctgtactgtg agcagacgca ttggtattat 840
cattcaaagc agtctccctc ttatttgtaa gtttacattt ttagcggaaa ctactaaatt 900
atthttgggtg gttcagccaa acctcaaaac agttaatctc cctgggttaa aatcacacca 960
15 gtggctttga tgttggttct gccccgcatt gtattttata ggaatagtga aaacatttag 1020
ggacacccaa agaattgatgc agtattaaag ggggtggtaga agctgctgtt tatgataaaa 1080
gtcatcggtc agaaaatcag cttggattgg tgccaagtgt tttattgggt aacacctgg 1140
gagtttttagt agcttgaggc aaggtggagg ggcaagaagt ccttggggaa gctgctggct 1200
20 tgggtgctgc tggcctcaa gctggcagtg ggaagggcta gtgagaccac acaggggtag 1260
ccccagcagc agcaccctgc aagccagcct ggccagctgc tcagaccagc ttgcagagcc 1320
gcagccgctg tgggcagggg gtgtggcagg agctcccagc actggagacc cacggactca 1380
accagttac ctacatggg gccttttctg agcaaggctc cgaaagcgca ggccgccctg 1440
gctgagcagc accgcccttt cccagctgca ctgcctctgt ggacagcccc gacacaccac 1500
tttctgagg ctgtcgtcct ctcagattgt ccgtttgcta tgccgaatgc agccaaaatt 1560
25 cctttttaca atttgtgatg ccttaccgat ttgatcttaa tctgtattt aaagttttct 1620
aacactgcct tatactgtgt ttctcttttt gggggagctt aactgcttgt tgctccctgt 1680
cgtctgcacc atagtaaag ccacaagggt agtcgaacac ctctctggcc cctagacct 1740
tctggggaca ggctggctca gcctgtctcc agggctgctg cggcccagcc ccgagcctgc 1800
ctccctcttg gcctctcctc cattggctct gcagggcagg ggtgaggcag gtttctgctc 1860
30 ataagtgctt ttggaagtca cctacctttt taacacagcc gaactagtcc caacgcgttt 1920
gcaaatattc ccctggtagc ctacttctt acccccgaa attggtaaga tcgagcaatg 1980
gcttcaggac atgggttctc ttctcctgtg atcattcaag tgctcactgc atgaagactg 2040
gcttgtctca gtgtttcaac ctcaccaggg ctgtctcttg gtccacacct cgctccctgt 2100
tagtgccgta tgacagcccc catcaaatga ccttggccaa gtcacggttt ctctgtggtc 2160
35 aaggttggtt ggctgattgg tggaaagtag ggtggacc aaaggaggccac gtgagcagtc 2220
agcaccagtt ctgcaccagc agcgcctccg tctagtggg tgttctgtt tctcctggcc 2280
ctgggtgggc tagggcctga ttcgggaaga tgcctttgca gggaggggag gataagtggg 2340
atctaccaat tgattctggc aaaacaattt ctaagatttt tttgctttat gtgggaaaca 2400
gatctaaatc tcattttatg ctgtatttta tatcttagtt gtgtttgaaa acgttttgat 2460
40 ttttggaac acatcaaat aaataatggc gtttggtgta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2520
aaaaaaaaa aaaaaa 2535
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 805 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

ggcacgagcg gcacgagcca tctccatccc cggagcatct gtatgattca gaagtacaac 60
cacgatgggg aagcaggctcg gctggaggct tttagccaag gggaaagtgt cctaaaggaa 120
10 cccaagtacc aggaagagct ggaggacagg ctgcatttct acgtggagga atgtgactac 180
ttgcagggct tccagatcct gtgtgacctg cacgatggct tctctggggt aggcgcgaag 240
gcggcagagc tgctacaaga tgaatattca gggcggggaa taataacctg gggcctgcta 300
cctgggtccct accatcgtgg ggaggcccag agaaacatct atcgtctatt aaacacagct 360
tttgggtctcg tgcacctgac tgctcacagc tctcttgtct gcccttgtc cttgggtggg 420
15 agcctgggccc tgcgacccga gccacctgtc agcttccctt acctgcatta tgatgccact 480
ctgcccttcc actgcagtgc catcctggct acagccctgg acacagtcac tgttccttat 540
cgctgtgtt cctctccagt ttccatgggt catctggctg acatgctgag cttctgtggg 600
aaaaagggtg tgacagcagg agcaatcatc cctttccctt tggctccagg ccagtccctt 660
cctgattccc tgatgcagtt tggaggagcc accccatgga cccactgtg tgcattgtgg 720
20 gagccttctg gaacacgttg ctttgcccag tcagtgggtc tgagggggta tagacagagc 780
atgccacaca agccacagac ttaat 805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

cggaagtagc cgcaggcatg gcggcggcta tgccgctggt gctctgctcg tcctgttgct 60
cctggggccc ggcggctggt gccttgacga acccccacgc gacagcctgc gggaggaact 120
tgtcatcacc ccgctgcctt ccggggacgt agccgccaca ttccagttcc gcacgcgctg 180
50 ggattcggag cttcagcggg aaggagtgtc ccattacagg ctctttccca aagccctggg 240
gcagctgac tccaagtatt ctctacggga gctgcacctg tcattcacac aaggcttttg 300
gaggacccga tactgggggc cacccttcct gcaggcccca tcaggtgcag agctgtgggt 360
ctggttccaa gacactgtca ctgatgtgga taaatcttgg aaggagctca gtaatgtcct 420
ctcagggatc ttctgcgcct ctctcaactt catcgactcc accaacacag tcaactccac 480
55 tgctccttc aaacccttg gtctggccaa tgacactgac cactactttc tgcgctatgc 540

tgtgctgccg cgggaggtgg tctgcaccga aaacctcacc ccctggaaga agctcttgcc 600
ctgtagttcc aaggcaggcc tctctgtgct gctgaaggca gatcgcttgt tccacaccag 660
ctaccactcc caggcagtgc atatccgcc tgtttgcaga aatgcacgct gtactagcat 720
ctcctgggag ctgaggcaga ccctgtcagt tgtatttgat gccttcatca cggggcaggg 780
5 aaagaaagac tggtcctct tccggatgtt ctcccgaacc ctcacggagc cctgccccct 840
ggcttcagag agccgagtct atgtggacat caccacctac aaccaggaca acgagacatt 900
agaggtgcac ccacccccga ccactacata tcaggacgtc atcctaggca ctcggaagac 960
ctatgccatc tatgacttgc ttgacaccgc catgatcaac aactctcgaa acctcaacat1020
ccagctcaag tggaagagac ccccagagaa tgaggcccc ccagtgcctt tcctgcatgc1080
10 ccagcggtag gtgagtggct atgggctgca gaagggggag ctgagcacac tgctgtaca1140
caccaccca taccgggctt tcccgggtgt gctgctggac accgtaccct ggtatctgcg1200
gctgttacat ccactaccag cctgcccagg accggctgca accccacctc ctggagatgc1260
tgattcagct gccggccaa 1279

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1923 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

gcgcaagaca caggaggccc aggccggcag tcaggacatg gcggcgatth gcagattcca 60
40 atctctctgt ttctgcggcg attgaacacc caacattggc gaccgggatc gcggaaagtg 120
atggctgtcg tcccggcgct tctctcagga caggacgtgg gatcatttgc atatcttaca 180
attaaagaca gaataccaca gatcttaact aaggttattg atacattgca tcgacataaa 240
agtgaatttt ttgagaaaca cggagaggaa ggcgtggaag ctgaaaagaa agctatctct 300
ctcctttcta aattacggaa tgaattgcaa acagataaac catttatccc cttgggttgag 360
45 aaatttggtg atactgatat atggaatcag tacctagaat atcaacagag tcttttaaat 420
gaaagtgatg gaaaatcaag atggttctac tcaccgtggt tgttggtaga atgttacatg 480
tatcgaagaa ttcattgaagc aattatccag agtccaccaa tcgattactt tgatgtattt 540
aaagaatcaa aagagcaaaa tttctatggg tcacaggaat ccatcattgc tttatgtact 600
cacctgcaac aattgataag aactattgaa gacctagatg aaaatcagct gaaagatgag 660
50 ttttttaaac ttctgcagat ttcactgtgg ggaaataagt gtgatctgtc tctctcaggt 720
ggagaaagta gttctcagaa taccaatgta ctaaattcat tggaagacct aaaacctttc 780
attttattga atgatattga acatctttgg tcattgctta gcaattgcaa gaaaacaaga 840
gaaaaagctt ctgctactag agtgtatatt gttctcgata attctggatt tgagcttggt 900
acagatttaa tattagccga cttcttggtt tcctctgaac tggctactga gggtcatttt 960
55 tatggaaaaa caattccatg gtttggttct gataactata tacatgattt taattgggtta1020
attgaacagg taaaacacag taatcataag tggatgtcca agtgtggggc tgactgggaal080
gagtatatta aaatgggtaa atgggtttac cacaatcata tattttggac tctgcctcat1140

gagtactgtg caatgcctca ggttgcacct gacttatatg ctgaactaca gaaggcacat1200
 ttaattttat tcaaggggtga tttgaattac aggaagttga caggtgacag aaaatgggag1260
 ttttctgttc catttcatca ggctctgaat ggcttccatc ctgcaccact ctgtaccata1320
 agaacattaa aagctgaaat tcaggttggg ctgcagcctg ggcaagggga acagctcctg1380
 5 gcctctgagc ccagctgggt gaccactgga aaatatggaa tatttcagta cgatgggtccc1440
 ctttgacttg atttaggagc tctcagttgc atagaaagat ctgggtgagca ccttttcatc1500
 cccagaaaag gagcacgtga attgagtcgc ctggcggctc tgtacgcgct cagggaagct1560
 tagcttcttg gtgcccactc acgtgcactg gatgattttt cttttgaaca ttttgcccca1620
 ctacactggt tttggggata gctgggttaa gcaagttaaa gatatttaca tttatatagg1680
 10 agattttaag caactttttt ttcagggtaa atatataatt tcaaagtgtc tttaaatgga1740
 ccttaatttt gaagtgggta gggccaaaaa ataaaggag ggctcctttg aggtaggtac1800
 ccttggcctt tcctaaaaag cccctcaatg ggatttagat ccgggggggt ggggttattt1860
 tccttggttt ggccatgaaa atccttgga cgggcttatg cccttttgaa aaggggggtt1920
 ttt 1923

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 706 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

40 cattttacga caggcgggat tgttttgtgg ctgtcagctt tctccgtggt ctgagtttgt 60
 ggctgcattt ttatctctgg tggctctgct acggcggcgc agaaatgagg cagaagcggga120
 aaggagatct cagccctgct gagctgatga tgctgactat aggagatgtt attaaacaac180
 tgattgaagc ccacgagcag gggaaagaca tcgatctaaa taaggtgaaa accaagacag240
 45 ctgccaaata tggcctttct gccagcccc gcctgggtgga tatcattgct gccgtccctc300
 ctcagtatcg caaggtcttg atgcccaagt taaaggcgaa acccatcaga actgctagtg360
 ggattgctgt cgtggctgtg atgtgcaaac cccacagatg tccacacatc agttttacag420
 gaaatatatg tgtatactgc cctgggtggac ctgattctga ttttgagtat tccacccagt480
 cttacactgg ctatgagcaa cctccatgag agctattccg tgccagatat ggaccctttt540
 50 ccttacagga caaggacacc ggattaggaa cagtttaaaa caagttgggt tcgtagtgtg600
 gggttaaagt ggagtttgtt tgtggatggg gtgggaactt tttggggccg ttccagagga660
 ttacagagtt atttttattt cggaagttta cgtgatgggt tttccg 706

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 749 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```
gacctatcct catctgtgca aggaggagtg gccaaactctg gagcccaggc tgttgcttcc 60
tggtctggtg gtgaatcctc catagtctgg tgagtgtagt gccaactct ggagcccagg120
atgttgcttc ccggtctggt ggtgaatcct ccatagtctg gagatctcag ccctgctgag180
25 ctgatgatgc tgactatagg agatgttatt aaacaactga ttgaagccca cgagcagggg240
aaagacatcg atctaaataa ggtgaaaacc aagacagctg ccaaatatgg cttttctgcc300
cagccccgcc tgggtggatat cattgcttgc cgtccctcct cagtatcgca aggtcttgat360
gcccaagtta aaggcgaaac ccatcagaac tgctagtggg attgctgtcg tggctgtgat420
gtgcaaacc cagagatgtc cacacatcag ttttacagga aatatatgtg tatactgccc480
30 tgggtgggac ctgattctga ttttgagtat tccacccagt cttacactgg gctatgagcc540
aacctccatg aggagctatt ccgtgccaga tatggaccct tttccttaca ggacaaggac600
accggattag gaacagttta aaacaagttg gggtcgtagt gtgggggttaa gtgggagttt660
gtttgtggat ggggtgggaa ctttttgggg ccgttccaga ggattacaga gttattttta720
tttcggaagt ttacgtgatg ggttttccg 749
```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 857 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```
accttaccaa ggggagaaaa aaaccctcca ctttggctca ctgtgggttt ggcactaaga 60
ggcacgatat ctgaaggagg tcattccagt tttaaaagta cggacagtgc tgttggaact120
gaccacaaaa atgtattgtt aaaaaaaaaat tgaaaaccag cagtgatattg ggtccccctg180
10 aaacctctgt gaatcggagg tgggcccagg aggggtgcagg acgcagcaga aatagtccca240
gaaaggagag acgggtcatg cagcgggctt gtgctttttt gtgtgtgttt gtgtgtttta300
caccatacat ctccaaatga agtattttatt aacaattgta gtgtaagcct gtgataaaaat360
agcacaaagg ttcttttaaag aagttcactt ttaaggcatc agaaaagtta atgtggcaaaa420
catttttaatt aaaacatcag aagtaaattt tatttttaaac tttaggcctc tgaattttttc480
15 cagtaaacac agttcagcta tgtggcaaag tcaatgggtg gcatctaaaa tgactttttta540
cattctacaa aaaaataaaa taaaataagg acacagcccc aaacgggtgc acctcttcgc600
ggccgctcca catgcacaga atctactagg atttgtcacg gccgggtggc acccgatttg660
ttttgactat acaacaaact tttttttcaa aagtatttgt tcaggataac tttaaaaata720
atataaaaat aaacaatgga tttgactttt ccctcaaaat tgaaaagaaa ggggtggggg780
20 gaggtgttaa ccattggcct tttttttttt ggaggggccc cattgggatt gtaaggccct840
ggggttccgg cctttcc 857
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 268 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
40 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
ccgcgccccg cccccaggca attttaataa taaatcttaa tagatggggt aagagctgcc 60
ttcatcccat acagagaata caatggtgct agactaagta gagattttat ttcagcttaa120
agattctgtt tgatgtctga aattacatgt ttaggcggca tggggaacag gactgttctt180
50 tagcatcagt ttcacaatta cttaaatcta ctaggtttca ttcaccttat aattctgaaa240
tttcatcagc agtggggaac agaaaagg 268
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 297 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
ctgatgtgca ctctaggtta gtaaccattt ttgtgaaaaa tttagagaaa ttctttgagc 60
agcttccact gaaacactaa aaccaatag ggccaaaggc ccataacctg aggaaacctt120
at ttattgct taatccaaca taggctatga aagttttgag tttcctcttg tgtattagaal80
tttcattcct at ttgttgta gagagtatag tacggggaat cagtaaatta aatgaagtaa240
actaaagatt acacctttgc tgctggcact aagcgaaaag caaaaccagt ggctgtc 297
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 590 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52


```

acggtcaaaa tgataactca tgtattttat tccaacaaca tttggtttat aaaggaatac 60
aaacaggcac aaaacatggt tcagaagatt tattaagtaa acttgctaaa atatggacag120
atacacttag cagtcaaaca gttgaatatt cattgctacc tcattaaagt ttttgtatct180
5 gtattaccag gtccaaacat aaaaaccacc tctgttcaaa aaataaatgt tcagagagct240
gtatgttctt tgttctggtg tgtacatttt aaaaaaacac ctctttccag tcttgctaac300
caagaatatt agtcatataa aagaacttag aatttttttc cccaagtaca agctatcttt360
tgctccaaaa cagttctgaa ggtttttat tttttttatc ttatcccgag ggaccaacag420
caggcatacc tttgccaggc cttcttgagc aaagacacag agccgtaaag gcaaaaataa480
10 aattgcaata aagtatatgg tattgggggc agggagaacc agaaaccctc aaggggacca540
atttttagca cgttcttttt ttagggttta ccctgtggag taagaactag 590

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ggaaggggaa gtttcgcctc agaaggctgc ctgcctgggc cgaattcggg ggccgccacgt 60
ccgcccgctc ccgccttctg catcgcggtt tcggcggtt ccacctagac acctaacagt 120
40 cgcggagccg gccgcgtcgt gaggggggctg gcacggggag tcggcggtc ttgtgcatct 180
tggtacctg tgggtcgaag atgtcggaca tcggagactg gttcaggagc atcccggcga 240
tcacgcgcta ttggttcgcc gccaccgtcg ccgtgccctt ggtcggcaaa ctccggcctca 300
tcagcccggc ctacctcttc ctctggcccg aagccttcct ttatcgcttt cagatttgga 360
ggccaatcac tgccaccttt tatttccctg tgggtccagg aactggattt ctttatttg 420
45 tcaatttata tttcttatat cagtattcta cgcgacttga aacaggagct tttgatggga 480
ggccagcaga ctatttatct atgctcctct ttaactggat ttgcatcggt attactggct 540
tagcaatgga tatgcagttg ctgatgattc ctctgatcat gtcagtactt tatgtctggg 600
cccagctgaa cagagacatg attgtatcat tttggtttgg aacacgattt aaggcctgct 660
atttaccctg gggtatcctt ggattcaact atatcatcgg aggctcggta atcaatgagc 720
50 ttatttgaaa tctggttgga catctttatt ttttcctaat gttcagatac ccaatggact 780
tgggaggaag aaattttcta tccacacctc agtttttgta ccgctggctg ccagtagga 840
gaggaggagt atcaggattt ggtgtgcccc ctgctagcat gaggcgagct gctgatcaga 900
atggcggagg cgggagacac aactggggcc agggctttcg acttgagac cagtgaaggg 960
gcggcctcgg gcagccgctc ctctcaagcc acatttcctc ccagtgcctg gtgcgcttaa1020
55 caactgcgtt ctggctaaca ctgttgacc tgaccacac tgaatgtagt ctttcagtac1080
gagacaaagt ttcttaaatc ccgaagaaaa atataagtgt tccacaagtt tcacgattct1140

```



```

cattcaagtc cttactgctg tgaagaacaa ataccaactg tgcaaattgc aaaactgact1200
acattttttg gtgtcttctc ttctcccctt tccgtctgaa taatggggtt tagcgggtcc1260
tagtctgctg gcattgagct ggggctgggt caccaaacc ttcccaaaag gacccttatc1320
tctttcttgc acacatgcct ctctcccact tttcccaacc cccacatttg caactagaag1380
5 aggttgccca taaaattgct ctgcccttga cagggttctgt tatttattga cttttgcca1440
ggcttggtca caacaatcat attcacgtaa ttttcccctt ttgggtggcag aactgtagca1500
atagggggag aagacaagca gcggatgaag cgttttctca gcttttgga ttgcttcgac1560
ctgacatccg ttgtaaccgt ttgccacttc ttcagatatt tttataaaaa agtaccactg1620
agtcagtgag ggccacagat tgggtattaat gagatacgag ggttggttgc ggtggttgc1680
10 tccgagtaag tgagaagggtg agtggattga ctac 1714

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

ctcgagccgc tcgagccgaa tcggctcgag ctgaaaaagg gctacctgac cctgtcagac 60
agtggggaca aggtggccgt ggaatgggac aaagaccatg gggtcctgga gtcccacctg 120
gcggagaagg ggagaggcat ggagctatcc gacctgattg ttttcaatgg gaaactctac 180
40 tccgtggatg accggacggg ggtcgtctac cagatcgaag gcagcaaagc cgtgccctgg 240
gtgattctgt ccgacggcga cggcaccgtg gagaaaggct tcaaggccga atggctggca 300
gtgaaggacg agcgtctgta cgtgggcggc ctgggcaagg agtggacgac cactacgggt 360
gatgtggtga acgagaaccg ggagtgggtg aaggtggtgg gctacaaggg cagcgtggac 420
cacgagaact ggggtgtcaa ctacaacgcc ctgcgggctg ctgccggcat ccagccgcca 480
45 ggtaacctca tccatgagtc tgcttctgg agtgacacgc tgcagcgtg gttcttcctg 540
ccgcgccgcy ccagccagga gcgtacagc gaggaaggac gacgagcgca agggcgccaa 600
cctgctgctg agcgcctccc ctgacttcgg cgacatcgct gtgagccacg tcggggcggt 660
ggtccccact cacggcttct cgtccttcaa gttcatcccc aacaccgacg accagatcat 720
tgtggccctc aaatccgagg aggacagcgg cagagtcgcc tcctacatca tggccttcac 780
50 gctggacggg cgttctctgt tgccggagac caagatcgga agcgtgaaat acgaaggcat 840
cgagttcatt taactcaaaa cggaaacact gagcaaggcc atcaggactc agcttttata 900
aaaacaagag gagtgcactt ttgttttgtt ttgttctttt tggaaactgtg cctgggttgg 960
aggtctggac agggagccca gtcccgggcc ccatagtggg gcgggcaact gacccccggg1020
ccccacggag gccgcggtct gaactgcttt ccatgctgcc atctggtggg gatttcgggtc1080
55 acttcaggca ttgactcaag gcctgcctaa ctggctgggt cgtttcttcc atccgacctc1140
gtttcttttc tttcctatgt tcttttgttc agtgaatata cctagagctc ctaccatatg1200
tcaggcccta tgcctcaccg tgagaacgca gtaagcatga aggtggacct ggtttgctgg1260

```

gaacccgagg gctaaccccc tttttcttcc caaatgttgg gccttggaag aatcaggtcc1320
agccctgaag atccttgggg 1340

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

30

caggattgaa acaagatggc gggttcgtgg tgagaagccg tcaaggagta gaaattggta 60
tgcttagaag cagattctaa aagcagtttc tcttcagaac atcttttttc ataccacttg120
ataagcatct tgaaacacca tggctgtagc tgcagtaaaa tgggtgatgt caaagagaac180
tatcttgaaa catttatttc cagtccaaaa tggagcttta tattgtgttt gtcataaatc240
tacgtattct cctctaccag atgactataa ttgcaacgta gagcttgctc tgacttctga300
tggcaggaca atagtatgct accacccttc tgtggacatt ccatatgaac acacaaaacc360
tatccctcgg ccagatcctg tgcataataa tgaagaaaca catgatcaag tgctgaaaac420
35 cagattggaa gaaaaagttg aacaccttga ggaaggacct atgatagaac aacttagcaa480
aatgttcttt actactaagc accgttggta tcctcatgga cggtatcaca gatgtcgtaa540
gaatctgaat cctccaaaag acagatgatg cggagggttc tgggggaatc aaagagaaat600
gtgcctcatt tgccatttga gaaaatgcag tctggtgtat tcagtaatat atagtaaagt660
aataatgata aaatatcttt tcatatatta gaatgtgtac ttttatataa agtaattctg720
40 gatttgacat tctcatttag ggggacctat tccttttttc gtttt 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

gcagccggag taagatggcg gcgctgaggg ctttgtgcgg cttccggggc gtcgcgggcc 60
aggtgctgcg gcctggggct ggagtcgatg tgccgattca gccagcaga ggtgttcggc 120
15 agtggcagcc agatgtggaa tgggcacagc agtttggggg agctgttatg taccacagca 180
aagaaacagc ccactggaag cctccacctt ggaatgatgt ggaccctcca aaggacacaa 240
ttgtgaagaa cattaccctg aactttgggc cccaacaccc agcagcgcac ggtgtcctgc 300
gactagtgat ggaattgagt ggggagatgg tgcggaagtg tgatcctcac atcgggctcc 360
tgcaccgagg cactgagaag ctcatatgat acaagaccta tcttcaggcc cttccatact 420
20 ttgaccggct agactatgtg tccatgatgt gtaacgaaca ggcctattct ctagctgtgg 480
agaagttgct aaacatccgg cctcctcctc gggcacagtg gatccgagtg ctgtttggag 540
aaatcacacg tttgttgaac cacatcatgg ctgtgaccac acatgccctg gaccttgggg 600
ccatgacccc tttcttctgg ctgtttgaag aaaggagaa gatgtttgag ttctacgagc 660
gagtgtctgg agcccgaatg catgctgctt atatccggcc aggaggagtg caccaggacc 720
25 tacccttggg gcttatggat gacatttatc agttttctaa gaacttctct cttcggcttg 780
atgagttgga ggagttgctg accaacaata ggatctggcg aaatcggaca attgacattg 840
gggttgtaac agcagaagaa gcacttaact atggtttttag tggagtgatg cttcggggct 900
caggcatcca gtgggacctg cggaagaccc agccctatga tgtttacgac caggttgagt 960
ttgatgttcc tgttggttct cgaggggact gctatgatag gtacctgtgc cgggtggagg 1020
30 agatgcgcca gtccctgaga attatcgac agtgtctaaa caagatgcct cctggggaga 1080
tcaaggttga tgatgcaaaa gtgtctccac ctaagcgagc agagatgaag acttccatgg 1140
agtcactgat tcatcacttt aagttgtata ctgagggcta ccaagttcct ccaggagcca 1200
catatactgc cattgaggct cccaaggagg agtttggggg gtacctggtg tctgatggca 1260
gcagccgccc ttatcgatgc aagatcaagg ctcttggttt tgcccatctg gctgggttgg 1320
35 acaagatgtc taaggagacac atgttggcag atgtcggtgc catcataggt acccaagata 1380
ttgtatttgg agaagtagat cggtagacag gggagcagcg tttgatcccc cctgcctatc 1440
agcttcttct gtggagcctg ttcctcactg gaaattggcc tctgtgtgtg tgtgtgtgtg 1500
tgtgtgtgtg tgtgtgtatg ttcattgtaca cttggctgtc aggccttctg tgcattgtact 1560
aaaaaaggag aaattataat aaattagccg tcttgcgccc ctaggcctaa aaaaaaaaaa 1620
40 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1647

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1166 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

10

```
cgccgcctgc gcggggggga gccagcaca gaccgcccgc gggaccccga gtcgcgcacc 60
ccagcccccac cgcccacccc gcgcgccatg gaccccaagg accgcaagaa gatccagttc 120
tcgggtgcccg cgccccttag ccagctcgac ccccgccagg tggagatgat ccggcgcagg 180
agaccaacgc ctgccatgct gttccggctc tcagagcact cctcaccaga ggaggaagcc 240
15 tccccccacc agagagcctc aggagagggg caccatctca agtcgaagag acccaacccc 300
tgtgcctaca caccaccttc gctgaaagct gtgcagcgca ttgctgagtc tcacctgcag 360
tctatcagca atttgaatga gaaccaggcc tcagaggagg aggatgagct gggggagctt 420
cgggagctgg gttatccaag agaggaagat gaggaggaag aggaggatgc agccaggctg 480
aagtcctgaa ggtcatcagg cagtctgctg ggcaaaagac aacctgtggc cagggctctg 540
20 aagggccctg ggagcgccca cccctctggt atgagtccga gagagatgga ggctctgagg 600
accaagtgga agaccagca ctaagtgagc ctggggagga acctcagcgc ccttccccct 660
ctgagcctgg cacataggca ccagcctgc atctcccagg aggaagtgga ggggacatcg 720
ctgttcccca gaaaccact ctatcctcac cctgttttgt gctcttcccc tcgcctgcta 780
gggctgcggc ttctgacttc tagaagacta aggctggtct gtgtttgctt gtttgccac 840
25 ctttggtgta taccagaga acctgggcac ttgctgcctg atgccaccc ctgccagtca 900
ttcctccatt caccagcgg gaggtgggat gtgagacagc ccacattgga aaatccagaa 960
aaccgggaac agggatttgc ccttcacaat tctactcccc agatcctctc ccctggacac 1020
aggagacca cagggcagga ccctaagatc tggggaaagg aggtcctgag aaccttgagg 1080
tacccttaga tccttttcta ccactttcc tatggaggat tccaagtcaa catttgtctg 1140
30 aacggcttgt aacagggttc aggttg 1166
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 487 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58


```

ctcagatcgg tggacgtgct cgcctccact cggggccagg tctatgtccc ggtttcccgc 60
agtcgcgggc agggcgccaa ggcggcagga ggaggggtgag cggccaagag acctccaggga120
agagcggctc tcggctgttt gcatcgccga tagagaagag aaaggatgca cgtcccaggga180
5  gggaggaact actccaactt ttcctattca gaaacaaaga aaaaagatta ttcaagctgt240
gagggacaat tcattcctta ttgttactgg aaatacagga agtggtaaaa caactcaact300
cccaaaatat ctatatgaag cagggttttc acaacatggg atgattgggtg taactcaacc360
acgaaaagta gctgctatat cagttgctca gagagtagct gaagaaatga aatgcacttt420
gggatccaaa gtaggatacc aagttcgttt tgatgattgc agttctaagg agacagcaat480
10 caaatat 487

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

35

```

aaactgtgta atgccccatg taatccataa aattttaact tttcccccta acgtttttgc 60
tgaaaaatgt tgggaaaccc tcaacacgcc ttctgaaaa caattaaaat acttgaaacc 120
tgtgaacctt tcaaaaaaac ctcagggttg gaaaagaccc ccaaaccctt ttttaaggat 180
catttgcttc gccatcaca ggatcttgga aatgtttccc taggggtgtg aaaaattaac 240
40 ccagggggga atgaagcaca tttttctggc aaccaaactt gagttcctca gagaacagat 300
gcagagagac ctgctcctgc ttgcccggct acaggggcca ctgtggagtc aactgaggc 360
tgtgaccggc cataagccca ggagagcccg tggcagctgt gccgaggcgc caggacctct 420
aagcgggaagc ttccaagct aggaatggag caacactgca atgaaatgtg tccaccaagc 480
tcattgttcc tcccgggtgc ttataaagct cagatgtata gtgacgtatg gacaaatata 540
45 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gcctttcttt ctcacaggca taagacacaa 600
attatataatt gttatgaagc actttttacc aacggtcagt ttttacattt tatagctgcg 660
tgcgaaaggc ttccagatgg gagacccatc tctcttggtc tccagacttc atcacaggct 720
gctttttatc aaaaagggga aaactcatgc ctttcctttt taaaaaatgc ttttttgtat 780
ttgtccatac gtcactatac atctgagctt tataagcgcc cgggaggaac aatgagcttg 840
50 gtggacacat ttcatgagc tggtgctcca ttctagctt gggaagcttc cgcttagagg 900
tcctggcgcc tcggcacagc tgccacgggc tctcctgggc ttatggccgg tcacagcctc 960
agtgtgactc cacagtggcc cctgtagccg ggcaagcagg agcaggtctc tctgcatctg1020
ttctctgagg aactcaagtt tgggtgcccag aaaaatgtgc ttcatcccc cctgggttaat1080
ttttacacac cctaggaaac atttccaaga tcctgtgatg gcgagacaaa tgatccttaal1140
55 agaaggtgtg gggcttttcc caacctgagg atttctgaaa ggttcacagg ttcaatattt1200
aatgcttcag aagcatgtga ggttcccaac actgtcagca aaaaccttag gagaaaactt1260

```

aaaaatatat gaatacatgc gcaatacaca gctacagaca cacattctgt tgacaagggal320
aaaccttcaa agcatgtttc tttccctcac cacaacagaa catgcagtac taaagcaata1380
tatttgtgat tccccatgta attcttcaat gttaaacagt gcagtcctct ttcgaaagct1440
aagatgacca tgcgcccttt cctctgtaca tataccctta agaacgcccc ctccacacac1500
5 tgccccccag tatatgccgc attgtactgc tgtgttatat gctatgtaca tgtcagaaac1560
cattagcatt gcatgcaggt ttcattattct ttctaagatg gaaagtaata aaatatattt1620
gaaatgtacc 1630

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1272 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

35

40

45

50

55

tgcgcgcgag cccgtgtccc cacggcgggc agcagcggcg gcggcggcgg ctgaacgcgg 60
agggggcgga gggagcccg gcggcggca gcagctacag cgaaatggcg gagaccgtgg 120
ctgacacccg gcggctgat accaagccgc agaacctgaa tgacgcctac ggacccccca 180
gcaacttcct cgagatcgat gtgagcaacc cgcaaacggt gggggtcggc cggggccgct 240
tcaccactta cgaaatcagg gtcaagacaa atcttcctat tttcaagctg aaagaatcta 300
ctgttagaag aagatacagt gactttgaat ggctgcgaag tgaattagaa agagagagca 360
aggtcgtagt tccccgctc cctgggaaag cgtttttgcg tcagttcctt ttagaggaga 420
tgatggaata tttgatgaca attttattga ggaaagaaaa caagggtctg agcagtttat 480
aaacaaggct gctggtcac ctctggcaca gaacgaacgt tgtcttcaca tgtttttaca 540
agatgaaata atagataaaa gctatactcc atctaaaata agacatgcct gaaatttggc 600
aagaaggggc aaaaacgtga ctattaatga ttgataagca ccagtgaaga agttctaact 660
tttagcatgc tgcacagaaa ctggtataac atgccttcag tataactaaca ctcatatgct 720
cagttttgtt ttgttttggc agttgacaag aagttaattt gctttagtaa aaatccctca 780
ttccagcctt tctatataaa tagctctttc ttgctgtttt aatgtggtgc acactatagc 840
ctcacaaacc tggtattcca gtgtaatctg cagtgtcgta actaaagtta ctggcttggc 900
cttatttgca cagtttttgc gtcttgtttg cttcttgcat ctgattaact agaatatctc 960
tctttcccc ttttaatttg tgatgtcact tgacccatt tatgtgtagg agcactacac1020
cattggtttc caatactgca cacataagat acatacttgt gtgcagaaag tatcttcctc1080
caggcttgta atacccttca catggaagat taatgaggga aatctttata ttctgtataa1140
aaacaaaagc aaatttatat actaaaatca tttgtctaaa aatttaagtt gttttcaaat1200
aaaaattaaa atgcatttct gatatgcaaa aaaaaaaaaa aagaaaaaga aaaaaagagg1260
ggcggccgct ct 1272

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```
25  tgcagcgcgt  gcgtgctgcg  ctactgagca  gcgccatgga  ggactctgaa  gcactgggct  60
    tcgaacacat  gggcctcgat  ccccggtccc  ttcaggctgt  caccgatctg  ggctggctcg  120
    gacctacgct  gatccaggag  aaggccatcc  cactggccct  agaagggaa  gacctcctgg  180
    ctcgggcccg  cacgggctcc  gggaagacgg  ccgcttatgc  tattccgatg  ctgcagctgt  240
    tgctccatag  gaaggcgaca  ggtccgggtg  tagaacaggc  agtgagaggc  cttgttcttg  300
30  ttctaccaa  ggagctggca  cggcaagcac  agtccatgat  tcagcagctg  gctacctact  360
    gtgctcggga  tgtccgagtg  gccaatgtct  cagctgctga  agactcagtc  tctcagagag  420
    ctgtgctgat  ggagaagcca  gatgtggtag  tagggacccc  atctcgcata  ttaagccact  480
    tgcagcaaga  cagcctgaaa  ctctgtgact  ccctggagct  tttggtggtg  gacgaagctg  540
    accttctttt  ttcttttggc  tttgaagaag  agctcaagag  tctcctctgg  gaaggcagag  600
35  tcaactgccc  cggatttacc  aggtttttct  catgtcagct  acttttaacg  aggacgtaca  660
    agcactcaag  gagctgatat  tacataaccc  ggttaccctt  aagttacagg  agtcccagct  720
    gcctgggcca  gaccagttac  agcagtttca  ggtggtctgt  gagactgagg  aagacaaatt  780
    cctcctgctg  tatgccctgc  tcaagctgtc  attgattcgg  ggcaagtctc  tgctctttgt  840
    caacactcta  gaacggagtt  accggctacg  cctgttcttg  gaacagttca  gcatccccac  900
40  ctgtgtgctc  aatggagagc  ttccactgcg  ctccagggtg  cacatcatct  cacagttcaa  960
    ccaaggcttc  tacgactgtg  tcatagcaac  tgatgctgaa  gtcctggggg  ccccgagtcaa  1020
    gggcaagcgt  cggggccgag  ggcccaaagg  ggacaaggcc  tctgatccgg  aagcagggtgt  1080
    ggcccggggc  atagacttcc  accatgtgtc  tgctgtgctc  aactttgatc  ttcccccaac  1140
    ccctgaggcc  tacatccatc  gagctggcag  gacagcacgc  gctaacaacc  caggcatagt  1200
45  cttaaccttt  gtgcttccca  cggagcagtt  ccacttaggc  aagattgagg  agcttctcag  1260
    tggagagaac  aggggcccc  ttctgctccc  ctaccagttc  cggatggagg  agatcgaggg  1320
    cttccgctat  cgctgcaggg  atgccatgcg  ctcagtgact  aagcaggcca  ttcgggaggc  1380
    aagattgaag  gagatcaagg  aagagcttct  gcattctgag  aagcttaaga  catactttga  1440
    agacaaccct  agggacctcc  agctgctgcg  gcatgacctc  cctttgcacc  ccgcagtggg  1500
50  gaagccccac  ctgggccaat  ttctgacta  cctggttcct  cctgctctcc  gtggcctggg  1560
    acgccctcac  aagaagcgga  agaagctgtc  ttctcttgt  aggaaggcca  agagagcaaa  1620
    gtcccagaac  ccactgcgca  gcttcaagca  caaaggaaag  aaattcagac  ccacagccaa  1680
    gccctcctga  ggttggtggg  cctctctgga  gctgagcaca  ttgtggagca  caggcttaca  1740
    cccttcgtgg  acaggcgagg  ctctggtgct  tactgcacag  cctgaacaga  cagttctggg  1800
55  gccggcagtg  ctgggcccct  tagctccttg  gcacttccaa  gctggcatct  tgccccttga  1860
    caacagaata  aaaattttag  ctgccccaaa  aaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  aaaa  1914
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 608 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

25

aatggaacca ggaattctta attagcccg aagttcccaa gtctccttag cggaaaccgg 60
aaattgcca aggaaagcaa agaggagat gaccagtgat acctccagt ccagaggtca120
ctttgtggag ccaaatgctg gacatgggca gtcgagactc ggcatcttct gtcccccgca180
ttaatgactc tcaggaagga ggatgtaatt caaggcaagt ttctaattcc gaagctgcct240
30 gttcatgtta acaggacttc tttttattcg tcaagatgta ctggttccct ggcaccttaa300
gggaaatcct gataaaggca aacctgttga gccatttggt cccataggat ccaggagccc360
aagtcctgtg tttcatcgtt actaccatgt gttccgtgag ggagaactgg aaggtgcctg420
caggactgtg agtgatgtca gaattctgca aagctactac gatcaaggaa actggtgtgt480
gattcttcaa aaggcctgat tatttacctg aacacatcat atataaagaa gaaatgctca540
35 cttaaaaaaa aaagagggga taaattaatt acccgtttaa ttaaagagaa aacttgtggg600
gaagtacc 608

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2674 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```
10 tgaagagaag ttaaggtgaa gagccgaaga gcctgatgcg tgatgagcgt ctaagaaagg 60
   agaagcaaga gcagagaaga gagagagaaa gaacgggaga gagaaaggga agaaagagaa 120
   aggaaaagac gaagggaaga ggaagaaaga gaaaaagaaa gggctcgtga cagagaaaga 180
   agaaagagaa gtcgttcacg aagtagacac tcaagccgaa catcagacag aagatgcagc 240
   aggtctcggg accacaaaag gtcacgaagt agagaaagaa ggcggagcag aagtagagat 300
15 cgacgaagaa gcagaagcca tgatcgatca gaaagaaaac acagatctcg aagtcgggat 360
   cgaagaagat caaaaagccg ggatcgaaag tcatataagc acaggagcaa aagtcgggac 420
   agagaacaag atagaaaatc caaggagaaa gaaaagaggg gatctgatga taaaaaagt 480
   agtgtgaagt ccggtagtcg agaaaagcag agtgaagaca caaacactga atcgaaggaa 540
   agtgatacta agaattgaggt caatgggacc agtgaagaca ttaaatctga aggtgacact 600
20 cagtccaatt aaaactgacg tgataagacc tcagatcaga cagaggtaag tgtattgttt 660
   ctcaactttga ttagggcttt ttgttactgt ttgacagtgc agcgtaagta tgcacagatg 720
   aagatggaac taagccgagt aagaagacat acaaaagcct cttctgaagg aaaagacagt 780
   gtagtcctgc aaacattttt gaggtacatt gttttgtctc agctattttg tagcagactc 840
   gtgcccccat tagtgtgcct ctttggaat tatcgccac atttgtaata tagtcgccat 900
25 tgaagaaagtt attatccttt ttttagggat tttgatgtca tttctttttt ttttttaata 960
   aaaaggttga actgtttttt tttttctttt tgggtattaag tccatcttgt gttggtacat 1020
   tggcagagac atatgcttta aaaacttaaa tatttcggag gcacatgttg gactactttg 1080
   ttttaattaa actgctagta tttctttgtc aaggatgttt ctagtttttt gctttattgc 1140
   cttgcattct aatgcagttt gttctgtaac tcgagagcca gtagcattgg attgatggaa 1200
30 gtgtaggggt tatgaattat tgcagctgac taccatacct cacacagcgt tgggtgtgtg 1260
   agcggcccat gaaaagccaa attaaaaatc aaggattcag tcaaactaag caggtaactc 1320
   tgccaggtag tcctttctct acccacatcc atgtttgaat gctattgcct gtgatcttta 1380
   cgcttaactg ttgtgtatct tttttgttct ttacaagaag tgcagagggg ttttttgtgt 1440
   attgcgtgaa aacttataaa acaaatgtta acagaatgga attttttttc aactgtatgt 1500
35 agggctgcag tgggtggccag aattagatat ctttaaagaa ttttaaatac aataaacact 1560
   tcatattatt cgccttgtaa cactcaatgc aattctcaag tctataagag gtatgtgctt 1620
   aatatttcct actgtgtagg agaatttgca gtcagccata ggtatgtagg aatagtcact 1680
   cactggctga tacatttaaa gcagcagtgt gaatagcaag gacagacacc ttcaatttgt 1740
   gaaatcaaag aactgatgca ctatatagaa cgaatttggg tttttaaaga aatattaaaa 1800
40 gttagggtact gtaagtgttc ttaaaacctg taaacttcat tctgtgggct agtgggtgtg 1860
   gacaaaatat tcctaataaa aggaagtacc aattagttga tttgttggtg gcattcccct 1920
   tttgggaaag caatgtaagg ttatgtctgt gtatgtcatt cacacttagg caagcataca 1980
   caggcacatg gctttaagaa ccacactgat gccttgataa ttaaaaagaa tacaagcatt 2040
   ccatgtacac atgttaatta gcagtttagtg actgggcaa cactttctca taaaaattgg 2100
45 ccttttacat gttgtctaata tatcattttt ccccaaattt tgcgtttagg gactactgtt 2160
   cgaagatfff tggaagaata ctgagaacgg cataaagtga agatcgacat ttaaaaaatg 2220
   aggtgaaaga aagctatagt ggcatagaaa aagtataaag ctgagttagt ttttttatta 2280
   ttattattat taaaagttaa ttcaggactg atgtgacctt ccagatttca gaacatgtgt 2340
   taatagtata tatgccactg aaaacttagg tcctgtatca tacttttttc ttttaagact 2400
50 ttttaagaaat attacttaaa catgtggctt gctcagtgtt taattgcaag ttttcaatct 2460
   tggactttga aaacaggatt aaacgttagt attcgtgtga atcagactaa gtgggatttc 2520
   atttttacaa ctctgctcta cttagccttt ggatttagaa gtaaaaataa agtatctctg 2580
   actttctgtt acaaagttga ttgtctctgt cattgaaaag ttttagtatt aatctttttc 2640
   taataaagtt attgactctg aaaaaaaaaa aaaa 2674
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 326 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

25

```
gacaaatgag ggtttggcat gcagctcgtc atcttaagag ttactatctt cttgccctgg 60
tgtttcgccg ttccagtgcc ccctgctgca gaccataaag gatgggactt tggtgagggc120
tatttccatc aatttttcct gaccgagaag gagtcgccac tccttaccga ggagacacaal80
acacagctcc tgcaacaatt ccatacgaat gggacagacc tacttgacat gcagatgcat240
gcttctgcta cagcagcccc actgtggggg gcctgatggg tccgacaact gcatctcgcc300
aggaagatgc aagtggatta agcaca                                326
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

ctcgtgcggt gatgttgagc agaagataca attcaaaaga gaaacagcca gtttgaaact 60
gttaccacac cagccccgaa ttgtggagat gaagaaagga agcaatggct atggtttcta120
tctgagggca ggctcagaac agaaagggtca aatcatcaag gacatagatt ctggaagtcc180
5 agcagaggag gctggcttga agaacaatga tctggtagtt gctgtcaacg gcgagtctgt240
ggaaaccctg gatcatgaca gtgtggtaga aatgattaga aagggtggag atcagacttc300
actgttggtg gtagacaaag agacggacaa catgtacaga ctggctcatt tttctccatt360
tctctactat caaagtcaag aactgcccaa tggctctgtc aaggaggctc cagctcctac420
tcccacttct ctggaagtct caagtccacc agatactaca gaggaagtag atcataagcc480
10 taaactctgc aggctggcta aagggtgaaaa tggctatggc tttcacttaa atgcgattcg540
gggtctgccca ggctcattca tcaaagaggt acagaagggc ggtcctgctg acttggctgg600
gctagaggat gaggatgtca tcattgaagt gaatggggtg aatgtgctag atgaacccta660
tgagaagggt gtggatagaa tccagagcag tgggaagaat gtcacacttc tagtctgtgg720
aaagaaggcc tatgattatt tccaagccta agaaaatccc tattgttccc tgctggctg780
15 atgccagttg acagccctgc aggttctaaa gaaggaatag tgggtggagtc aaaccatgac840
tcgcacatgg caaaagaacg ggcggtctatt gcagacggct aatttatg 888

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

atcacagggg tacaaccaga acacatacag tacttgaaaa attatttcca cctttggaca 60
cgacagttag cgcataattta tcactactat attcatggcc caaaaggaaa tgaaatacga120
45 acatcaaaag aagttgaacc tttcaacaat attgatattg aaatttctat gtttgaaaaa180
gggaagggtac ctaagattgt ca 202

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

20 ggccggtgga ggcggcggct gcggcacgga aggggaagcg ctgaggcggg ggggcccaca 60
gccatggcgg agctgttgca ggaggagctc tcggtcctgg ccgcgatttt ctgcaggccc 120
cacgagtggg aggtgctgag ccgctcagag acagatggga ccgtgttcag aattcacaca 180
aaagctgaag gatttatgga tgcggatata cctctggaat tgggtgttcca tttgccagtc 240
aattatcctt catgtctacc tggatatctg attaactctg aacagttgac cagggcccag 300
tgtgtgactg tgaaagagaa gttacttgag caagcagaga gccttttgtc ggagcctatg 360
25 gttcatgagc tggttctctg gattcagcag aatctcaggc atatcctcag ccaaccagaa 420
actggcagtg gcagtgaata gtgtactttt tcaacaagca cgaccatgga tgatggattg 480
tggaatactc ttttgcatth agatcacatg agagcaaaga ctaaataatgt caaaattgtg 540
gagaagtggg cttcagatth aaggctgaca ggaagactga tgttcatggg taaaataata 600
cttgatttta ctacagggag acagaaacaa cctcaagggtg tacttgattc ttcagaaaac 660
30 ctccaaagta gatgtggact caagtggaaa gaaatgcaaa gagaaaatga ttagtgtact 720
gtttgaaaca aaagtacaga cagaacacaa aaggtttctg gcatttgaag tcaaagagta 780
ttcagcgttg gatgaattac aaaaggaatt tgaaactgca ggacttaaga agcttttctc 840
cgaatttgta cttgctctgg taaaatgaaa tggaagacag gaatctttta gtaaaatagc 900
agtgtttttt gttgtttttg cattggattt ggggagtggg taattgaaat agtcaatttt 960
35 aaagtttctc tgaagcaaaa tgataggcat cattctaact tcaggaacaa aagccagttc 1020
tgttttatga aatattaaac atgaagaaaa cttgtatatt ctaatgtttg ccaggaaagg 1080
ctaggttcag tagatgagac attatttaaa agataaattt aaaaagatgg taaatgaaca 1140
cttgttttta tagacaatat ttgtttgaaa ctatgtaatt ttctggctaa ttttcttgta 1200
attaaatgat tttttaaaaa aagaa 1225
40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

10

```
gagggcgggc ctgtttccgg ggagggcgct ggggcttgag gccgagaacg gcccttgctg 60
ccaccaacat ggagactttg taccgtgtcc cgttcttagt gctcgaatgt cccaacctga 120
agctgaagaa gccgccctgg ttgcacatgc cgtcggccat gactgtgtat gctctggtgg 180
tggtgtctta cttcctcatc accggaggaa taatttatga tgttattggt gaacctccaa 240
15 gtgtcggttc tatgactgat gaacatgggc atcagaggcc agtagctttc ttggcctaca 300
gagtaaattg acaatatatt atggaaggac ttgcatccag cttcctattt acaatgggag 360
gtttagggtt cataatcctg gaccgatcga atgcaccaa tatcccaaaa ctcaatagat 420
tccttcttct gttcattgga ttcgctctgt tcctattgag ttttttcatg gctagagtat 480
tcatgagaat gaaactgccg ggctatctga tgggttagag tgcctttgag aagaaatcag 540
20 tggatactgg atttgctcct gtcaatgaag ttttaaaggc tgtaccaatc ctctaataatg 600
aaatgtggaa aagaatgaag agcagcagta aaagaaatat ctagtgaaaa aacaggaagc 660
gtattgaagc ttggactaga atttcttctt ggtattaaag agacaagttt atcacagaat 720
tttttttctt gctggcctat tgctatacca atgatgttga gtggcatttt ctttttagtt 780
tttcattaaa atatattcca tatctacaac tataatatca aataaagtga ttatttttta 840
25 caaccctctt aacatttttt ggagatgaca tttctgattt tcagaaatta acataaaatc 900
cagaagcaag attccgtaag ctgagaactc tggacagttg atcagcttta cctatggtgc 960
tttgccttta actagagtgt gtgatggtag attatttcag atatgtatgt aaaactgttt 1020
cctgaacaat aagatgtatg aacggagcag aaataaatac tttttctaata taaaaaaaaa 1080
aaaaaaaaaa aaa 1093
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 309 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

cacaaagtga ttgtggtatg gaacaatatt ggagagaagg caccagatga gttatggaat 60
tctctagggc cccaccctat ccctgtgatc ttcaaacaac agacagcaaa caggatgaga120
aatcgactcc aggtctttcc tgaactggaa accaatgcag tgttgatggg agatgatgac180
acactcatca gcaccccaga ccttggtttt gctttctcag tttggcagca atttcctgat240
5 caaattgtag ggatttggtt cctagaaagc acgtctttta ctttcattca aggtatctac300
agttattgg 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 380 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

ctcatctgat cccttttatg gccaaatcat ccttcagagt agggaaact cagacattct 60
gtgcatgttg ttccccaaa gcatggatcat cacaaagtcc tgagttctgg tgtgtgctcc120
cgctcctgg gtatacagag agaaggcagg aatcaggagt tccagaagca tatacatgtg180
35 gctaccccag caacaagcgg catcctgtgc tcagataagc tgcattggtg ggaagtgttt240
ttctctgcac gttgaggctt agtggagatg ggcaccactg ccatttgctc agaagaaggc300
tggtctggtc ctaactgcat cccacactgc ccagatcatt ctagataggt tattttctga360
atgtttatag atttcttata 380

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1253 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

10

```
gcggcccgac tccagttagg agccttgatg ccggagggga cagtgggtcg ccgagagcgc 60
ccggagggaa ccgcctggcc ttccggggacc accaattttg tctggaacca ccctcccggc 120
gtatcctact ccctgtgccg cgaggccatc gcttcactgg aggggtcgat ttgtgtgtag 180
tttggtgaca agatttgcat tcacctggcc caaacccctt ttgtctcttt gggtgaccgg 240
15 aaaactccac ctcaagtttt cttttgtggg gctgcccccc aagtgtcgtt tgttttactg 300
tagggtctcc ccgcccggcg ccccagtggt tttctgaggg cggaaatggc caattcgggc 360
ctgcagttgc tgggcttctc catggccctg ctgggctggg tgggtctggt ggctgcacc 420
gccatcccgc agtggcagat gagctcctat gcgggtgaca acatcatcac ggcccaggcc 480
atgtacaagg ggctgtggat ggactgcgtc acgcagagca cggggatgat gagctgcaaa 540
20 atgtacgact cgggtgctcg cctgtcccg ccttgccagg ccactcgagc cctaattggtg 600
gtctccctgg tgcctgggctt cctggccatg tttgtggcca cgatgggcat gaagtgcacg 660
cgctgtgggg gagacgacaa agtgaagaag gcccgatatag ccatgggtgg aggcataatt 720
ttcatcgtgg caggtcttgc cgccttggtg gcttgctcct ggtatggcca tcagattgtc 780
acagactttt ataacccttt gatccctacc aacattaagt atgagtttgg ccctgccatc 840
25 tttattggct gggcagggtc tgccctagtc atcctgggag gtgcactgct ctctgttcc 900
tgtcctggga atgagagcaa ggctgggtac cgtgcacccc gctcttacc taagtccaac 960
tcttccaagg agtatgtgtg acctgggatc tccttgcccc agcctgacag gctatgggag 1020
tgtctagatg cctgaaaggg cctggggctg agctcagcct gtgggcaggg tgccggacaa 1080
aggcctcctg gtcactctgt ccctgcactc catgtatagt cctcttgggt tgggggtggg 1140
30 ggggtgccgt tgggtgggaga gacaaaaaga gggagagtgt gctttttgta cagtaataaa 1200
aaataagtat tgggaaacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1253
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 439 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

ctaaggggag gacaggcaga aaccaggaat gccaaacttaa acctgtttgg tgctctgact 60
gtttgttagt atcactctca agaatgaaga gaaacctcaa cctttctgtt tccggccaac120
5 tttattgaat ttgttttttt aaatgcagtt tacatgcagt ttctttgaaa agtcatgttg180
aathtagatc tgttctctga gtaagacttg gcgagtatgt gaaacttgac tcaagttaca240
tttctttttt tctgtccccc aaacgttcac gcttcttata ggctccactt tgaggctctg300
atgaacattc cagtgtgtgt gttggatgtc aatgatgatt ttgctgagga agtaaccaaaa360
caagaagacc tcatgagaga ggtgggaagg actttaactc ctgtttttct ggtggtttcc420
10 ctttggttgt accttttaa 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1252 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

35 tggacctgcc cgacgccctg ctgcccgaact tgcccgcgct ggtggggcccc aagcagctga 60
tcgtgctggg aaacaaagtg gacctcctgc cccaggatgc tcctggctac cggcagagggc 120
tgccgggagcg actgtgggag gactgtgccc gcgcggggct cctgctggcc cctggcacca 180
agggccacag cgccccgtca aggacgagcc acaggacggg gagaatccga atccgccgaa 240
40 ctggtcccgc acagtgggtca gggacgtgcg gctgatcagc gccaaagaccg gctatggagt 300
ggaagagttg atctctgccc ttcagcgctc ctggcgctac cgtggggagc tctacttagt 360
gggcgccacc aacgccggca aatccactct ctttaacacg ctccctggagt ccgattactg 420
cactgccaaag ggctccgagg ccacgcagag agccaccatc tccccttggc caggtactac 480
attaaacctt ctgaagtctt ctatttgcaa cccaactcct tacagaatgt ttaaaaggca 540
45 tcaaagactt aaaaaagatt caactcaagc tgaagaagat cttagttagc aagaacaaaa 600
tcagcttaat gtcctcaaaa agcatgggta tgcgtagga agagttggaa ggacattctt 660
gtattcagaa gaacagaagg ataacattcc ctttgagttt gatgctgatt cacttgcctt 720
tgacatggaa aatgaccctg ttatgggtac acacaaatcc accaaacaag tagaattgac 780
tgcacaagat gtgaaagatg cccactgggt ttatgacacc cctggaatta caaaagaaaa 840
50 ttgtatttta aatcttctaa cagaaaaaga agtaaataat gttttgcca cacagtccat 900
tgttccaaga acttttgtgc ttaaaccagg aatgggtctg tttttgggtg ctataggccg 960
catagatttc ctgcagggaa atcagtcagc ttggtttaca gtcgtggctt ccaacatcct1020
ccctgtgcat atcacctcct tggacagggc agacgctctg tatcagaagc atgcagggtca1080
tacgttactc cagattccaa tgggtggaaa agaacgaatg ggcaggattt cctcctcttg1140
55 ttgctgaaga cattaatggt taaaagaaa gactgggggc aacctggaag cagtgggccc1200
acatcaaagt ttcctctgca ggtaatttta tgccaagcac tttttaaaaa gt 1252

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 695 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

tgttcattgc ctcctgagcg tagtccagtt actttcaggc tcggggagtg aaggcctcgt 60
tgagagaagg tctcattcgg tgttttggga agagagtcgt gtggggcccag gtatcgtagc120
ggcgacacga gagagacggg cggtgtgaca gccttccact acctgcacga gtgtattggt180
30 ctgtctgcta tcagctatgc cgctgcccgt tgcgctgcag acccgcttgg ccaagagagg240
catcctcaaa catctggagc ctgaaccaga ggaagagatc attgccgagg actatgacga300
tgatcctgtg gactacgagg ccaccagggt ggagggccta ccaccaagct ggtacaaggt360
gttcgaccct tcttgccggc tcccttacta ctggaatgca gacacagacc ttgtatcctg420
gctctcccca catgacccca actccgtggt taccaaactc gccaagaagc tcagaagcag480
35 taatgcagat gctgaagaaa agttggaccg gagccatgac aagtcggaca ggggccatga540
caagtcggac cgcagccatg agaaactaga cagggggccac gacaagtcag accggggcca600
cgacaagtct gacagggatc gagagcgtgg ctatgacaag tccaggaacg ggattcggga660
ccgcgggtat gaccaagcag accgggaaga gggcc 695

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2514 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

10

```
cggcgcacggc gcggggggcag ctgggaatcc ggaatgctgc ccgatggccc tgggtcctcg 60
ctgtgggggca atccgggctt gcagacgagt tttagaaaga gcgttttcgc tacgtaaagc 120
acattcgata aaggatatgg aaaatacttt gcagctgggtg agaaatatca tacctcctct 180
gtcttccaca aagcacaaag ggcaagatgg aagaataggc gtagttggag gctgtcagga 240
gtacactgga gcccataatt ttgcagcaat ctgagctctc aaagtgtgac agccccaatg 300
ctgttcatga ggtggagaag tggctgcccc ggctgcatgc tcttgctcgtg ggacctggct 360
tgggtagaga tgatgcgctt ctgagaaatg tccaggggcat tttggaagtg tcaaaggcca 420
gggacatccc tgttgctcatc gacgcggtga gttgacttct ctctcctggg ctcgactcc 480
cggaaggcct gtgcagtga cagggctcct tgttctgtgc aggatggcct gtggtaggtc 540
gctcagcagc cggccctcat ccatggctac cggaaggctg tgctcactcc caaccacgtg 600
gagttcagca gactgtatga cgctgtgctc agaggcccta tggacagcga tgacagccat 660
ggatctgtgc taagactcag ccaagccctg ggcaacgtga cgggtggcca gaaaggagag 720
cgcgacatcc tctccaacgg ccagcaggtg cttgtgtgca gccaggaagg cagcagccgc 780
aggtgtggag ggcaagggga cctcctgtcg ggctccctgg gcgtcctggg aactggggcg 840
ctccttgctg gaccacagaa aacaaatggg tccagccctc tcctgggtggc cgcgtttggc 900
gcctgctctc tcaccaggca gtgcaaccac caagccttcc agaagcacgg tcgctccacc 960
accacctccg acatgatcgc cgaggtgggg gccgccttca gcaagctctt tgaaacctga 1020
gcccgcgcag accagaagta aacaggcacc ttggacgggg gagagcgtgt gtgtgatggg 1080
aaaatccgga cccacgcgtg tgctgaaggc gtacgggtgt tgccagattt tcaacttgag 1140
cataaattgg ttgccattga gaatttaaga atctggaata ttgcagcttt tgggttaaact 1200
taatgcatgg ttggagatgt tatggcgaca ctaaacaag tattcctgaa ctttccttag 1260
ctccttggtg gtaactggga agacagaaat gaagaaaatc acatgagaat gaagaattct 1320
ttagcagctc aacagagttt ctgcgcctgc tcccagatcg gcgaagtctc tacttgttac 1380
tctctctgcc ggcgcccttc gttectctct tgcttccctt ccctagtctt tcctccggca 1440
gggagctggg caggggtccc cgggtgtctc cctgagtccc gactgcactg actgggtcca 1500
tcagaggggt gcttcgttct ccagctcatc ttcttttaaa gtggtgacta gcttggtgg 1560
atctggctgc tgggtgtttg cttattgaca tactccaggg taatcaatga tgactttgtt 1620
tggaaccctt tttggaggca ccatgggaac agaaggaaac atgagtgaag ctgaccttgc 1680
agtgtgtggg tggggagctc tgagacgcct cctgtcccac gctctccggt gtccgtgtct 1740
acacaggggt ccccatgata cccaccggcc ccagcagggc agaccggacc ggggacgggc 1800
acggtgaagg gctgcagcct ggggtctgac gtggccccta gtgctgtctc aggagaaggc 1860
tctggaggac ttgaggcatg ctgggcctgg tgcagtgatg gcgctaagga gaccggggga 1920
aagacagtat cgtggtcacg tatgcttagg aagcagcaca gccgtgtcct tagggatgtt 1980
cgcgctccagt aaagacactg gtaactgcgg tttcagccaa cactcttcat ggcagtgtcg 2040
acctcggggt agcttctgtt gtctttgtgg atgggttttc tggagcggcc tgacgttgac 2100
gtgttctctg gtcccatgtc ttagecgggc atggtacggg ttcgtgcctg acgcgtgcat 2160
tagggtgttc tcttatactt tcagtagcat ctttccacag caagggcca accctcctgg 2220
ttcccttcag agtctttttg gcctgatgat gactcttgag tgataccctg tgatgcagac 2280
atgccccaga tggattctac tttctttaa actagggact ttcaagatta aaaaaaagat 2340
tgtcactact aatttgacgc ctaacttcag aagcttcact gtctacatgt gaacttttcc 2400
agaaaaactg tgccatggac atttttcctc tggggaatta acatctaaat tctggtaact 2460
attaaaagac agatctgggt aatttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataa aaaa 2514
```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 274 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```
cagagatctg ctgtgattat tccttttcac aaaccacaat gactctggaa aacctggctg 60
taaacaccag cactgccacc agctaaggat ctgtgatcag gagtgccatc tcacggtaac120
aggcagaaga caaaagtga accgggctga tgcgaatcac tgggaaactg gctttggcac180
ctccagagaa tgaactgttt catagcctag ctgaccatcc atgaaaatgg ctgcctggag240
aggcagtgat cagcccatcc cctgcaaggt gaag 274
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 449 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```
cggttttagc ggcagctctt cggtattgtt tccattgccca ccctaaccgt gctggcctat 60
gaacggtaca ttcgcgtggt ccatgccaga gtgatcaatt tttcctgggc ctggagggcc120
```

attacctaca tctggctcta ctactggcg tgggcaggag cacctctcct gggatggaac180
aggtacatcc tggacgtaca cggactaggc tgcactgtgg actggaaatc caaggatgcc240
aacgattcct cttttgtgct tttcttattt cttggctgcc tgggtgggtgcc cctgggtgtc300
atagcccatg gctatggcca tattctatat ttccattcga atgcttcgtt ggtgtggaag360
5 atcttcagac aattcaagtg atcaagattt taaaatatga aaagaaactg gccaaaatgt420
gcttttaatg atattcacct tcctgggtcg 449

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 346 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

atataacatc tgaattggga gatagctcat tgtggcctgg gtgctggact tttcatatta 60
agtctgtct tagccaagg agaagaatgt aaggataaga ccaccaatat cacaggggct120
35 gtctgagcct ttacctgtga ttttgtacca ctctgtggcc ttctggagca atggacaacc180
aagtcagcta tgcagttcat aaaagtggac ctggttatat gtcatccaac agcatatgg240
ccctgcaagc ctgttttgga agccaatatt ctataaccta caggaatcca cttgaatctg300
atgtctttgg aagcaatata ttttcccagg gttccaatgg actacg 346

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1329 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

10

```
cccccatca gttcgaattt ctgcagtga agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttcctcccca gcatccttga tggcttaatt 120
cacctagcag cccagttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc 180
gtttgtacag tagaccccca attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
15 atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaataag gctgattccc 360
actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
ccattgatat cctgacaaca gtagtacgaa atacaaagcc tcccctttcc cagcttctca 480
tctgccaagc tttccctgct gtggcacagt gtacccttca cacagatgac aatgccatca 540
20 gtgcagaatg gcggagagtg cttgcggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggccgctt tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcagggcg ggaactcggg gagaatctag accagattct tcgtgccatc 780
ctcagtaaga tgcagcaggc agagacgctc agtgtcatgc agtccctgat catggtgttc 840
25 gctcatctgg tgcacactca gctagaacct ctcttggagt tcctgtgtag cctcccagga 900
cctactggca aacctgctct agagtttgtg atggctgagt ggacaagccg acagcacctg 960
ttctatggac agtatgaagg caaagtcagc tctgtggcac tctgtaagct gctccagcat 1020
ggcatcaatg cagatgacaa acggctacag gatatccgtg tgaagggaga ggagatctac 1080
agcatggatg agggcatccg caccgctct aagtcagcca aaaaccaga acgctggaca 1140
30 aacattcctt tgctggtcaa gatcctaaag ctgatcatca acgagctctc caacgtcatg 1200
ggaggctaag gccgctccgc caggccactc ctgcagagtg ggagtcaaag gtgcacgaag 1260
gcccttact tcccaggaag acttttagcc tgggcagatc aagttacaaa ttgtcaaatt 1320
atccaggaa 1329
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

5 gcccccatca gttcgaattt ctgcagtggg agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttctcccca gcatccttga tggcttaatt120
cacctagcag ccaggttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc180
gtttgtacag tagaccccgga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc240
atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc360
10 actctgggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgcgaca420
cccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaagc ctcccctttc ccagcttctc480
atctgccaag ctttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc540
atgcagaatg gcggagagtg cttgcgggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtgggtat tgatgcaagt ggtgagccag660
15 ctcttgacc cccgcacctc agagttcact ggggcctttg tgggcccgtt ttgtttccac720
cctcatctcc aaggcagggc gggaactcgg ggagaatcta gaccagattt cttcgtgcca780
tccttcagtt aagatggcag gaggt 805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 420 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

45 accaggtcaa gctcacccca aactattacc ttgatgcat gtgttgtcat accctgtgga 60
gatctccaaa gtcaaaagca actgtcagac tcagagaagt atctgtgccc ctttaagata120
aaaggctccc cctatcaaga cccttggtcc ttaacgaatg caggaaaaca ggtctgccat180
agctggaatg aggtggtgtg gacaactgaa tatcaaggct ggacctcgtc aaccggtggt240
tgtatgtcct taaaaccata cattcacttc actaaagaaa gtacccccca taattgccag300
tataaccaat gtaatccagt gcaaatttct attctcattc caacttctac tgaccctaaa360
50 cctactttaa gttgcggtat atggcatggg agccgaaata gcaggggcac atcttattgg420

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 2143 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

20
 cggcgcgcct tttttttttt ttttttaagt tgaacagAAC attttatttc tcagcaattc 60
 tatgcgtaca aattaaacat gagatgaata gagactttat tgagaaagca agagaaaatt 120
 cctatcaacc ccaaggagga ctcaaagtga ggctggaaga ggacttagaa gagtatgaaa 180
 gtactctaag attttatcta agttgccttt tctgggtggg aaagtttaac cttagtgact 240
 25 aaggacatca catatgaaga atgtttaagt tggaggtggc aacgtgaatt gcaaacaggg 300
 cctgcttcag tgactgtgtg cctgtagtcc cagctactcg ggagtctgtg tgaggccagg 360
 ggtgccagcg caccagctag atgctctgta acttctaggc cccattttcc cctctgaaaa 420
 taagagggtt ggatcaaacg atctctgggg ccttagcatc tcaaactctg tggatcctcc 480
 tacttacccc ttagagagcc ttactgggaa gtcagtcatt aatgatgtgg ccagttattt 540
 30 gcaagtggta agagcctatt taccataaat aataactaaga accaactcaa gtcaaaccctt 600
 aatgccattg ttattgtgaa ttaggattaa gtagtaattt tcaaaattca cattaacttg 660
 attttaaaat cagttttgtg agtcatttac cacaagctaa atgtgtacac tatgataaaa 720
 acaaccattg tattcctgtt tttctaaaca gtcctaattt ctaacactgt atatatcctt 780
 cgacatcaat gaactttgtt ttcttttact ccagtaataa agtaggcaca gatctgtcca 840
 35 caacaaactt gccctctcat gccttgccctc tcaccatgct ctgctccagg tcagccccct 900
 tttggcctgt ttgttttgtc aaaaacctaa tctgcttctt gcttttcttg gtaatatata 960
 tttagggag atgttgcttt gccacacacac gaagcaaagt aaataaagac cacaaatggtt1020
 caaattctaa gccacttaat agcgttttgt acattaaaaa tgacaagggt tattatacaal1080
 gtagcctttt aaaaaattct cacacagAAC agctttgtat ttagacttaa agctgttgctt1140
 40 actttgctag tgacgtttgt gttaacagtc agtgctctag gccattgatt gattgattgtt1200
 cagaatcaga agtgactaca caagagcatt agccagactt ttcagtgaga acaggtaacal1260
 ggctggcacc agcacttggg acagcacgtg gacaggacga cggaaaccag agttctctgtt1320
 ctctccttca cagcagatgg actcttctat aggtggctgt taatttacac aaagttatat1380
 tccagaatca ggaagccccg tgtcgccaac acttgaagga gaactatgtt ccagttttgg1440
 45 tgttgaactt ctacagaaat acctactacc aaaaattgtg acaccttatt agacacttcc1500
 aaagtacccc ccaaaagctg tttaaaagac cattccattt tttcctacac aaagtgcatal1560
 ctaaaatttc acaataatca tcttcagatg tacattttat ttagtacatt tcacagttttt1620
 cagtattcag tccctcatga acattttata gtcactctct cggccctgtt gtgaaatatg1680
 tgattccagt tcaattcaga gtgtatgatt ccgcttttca cgctgatcaa gtaaattttat1740
 50 ggtgtctctt ttctgatctt caacattaaa aacatctatg tttctgtcat tccctgccag1800
 ggctgcttgc ttgtctgtct cagattctgc ttcattttca tccatgttgt agtcactctt1860
 tcctctcagt ttctgctggg ttctcccttc cccggcagct tcctgctcct cctcctgtcc1920
 gtcggggatg acaagctggg ctgctcagg gccctccatc tctggatttt cctggctcac1980
 tgacagggca gcctgcacct gtggggtctg gccagttctt ccggctcccc cgaagcctct2040
 55 tccacctaca ggtctgtctt caacacctgc tccgggcttg gctcctgcgg cagcctgtcc2100
 ctctgaggct ccgatcaaca ctgatctcat ggttcccttc cca 2143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 450 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```
25  tttttttaaa gccagctttt cttcagattt ttttggtggg caggtcgtga aagacaggtg 60
    aggaagtaga tcttgggctc agcatgcctc taaaagtata atttcttttt tttaatgtgg120
    aaagaaatgc ataactctgt ttctgttcct gtccccctct ctgcctctgt ggtgcctgag180
    atactgggga tcccacagct ggggccactc agaggctacc aggaacgctt ccagtttgca240
    tctggctggt agtgccagga ccagaaaccc acagacctct tcacagacct cctgaccgtg300
30  atgtccctga agcctggaag gtgtccacac aatgaagcag aattgagtga tgggggtgttt360
    tgtggaaccc agtgaaactg tgtaacaca gtggaactgt gttaattttg agtggaagtt420
    caagttccgt ggagttcatt gggcccgttt                                450
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 408 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

5
tgcaactgtg caccagctt gccagatttt tccccattac acccccagtg tggcatatcc 60
ttgggtccca gaggcacacc ccttgatctg tggacctcca ggcttgaca agaggctgct120
accagaaacc ccaggcccct gttactcaaa ttcacagcca gtgtggttgt gcctgactcc180
tcgccagccc ctggaaccac atccacctgg ggaggggcct tctgaatgga gttctgacac240
10 cgcagagggc aggccatgcc cttatccgca ctgccaggtg ctgtcggccc agcctggctc300
agaggaggaa ctcgaggagc tgtgtgaaca ggctgtgtga gatgttcagg gctagttcca360
accaagagtg tgctccagat gtgttggggc cctaacttgg cacagagt 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

15
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 311 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

40
tacagttttt atcagtgatc acatttttagt gtaatacatg aaactgaggc ttgatagaaa 60
acaggagaga aggcagtagt gcatggggta catagggaga tgagggcaag catcaccaag120
gagcggcagt gagatagacg ctctcatgga ctgctgcttt acaacctccc tggagagcaa180
tttaaaaata tgaatcaaga tccttttgat ccactaatca tccagaaatc tacacagaaa240
tatgcacaaa aatatgtggg catccattga ctttccaacc tcttctcttt ccagggggaa300
tattccttaa a 311

45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 487 Basenpaare
50 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

15

```
gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tgggtcaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtggc cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttg gaagcaatgc atcctacatg240
20 ggctgatatt cagcctgagc tggttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattgggttg agtctatgct ataccagttg ttaaacattt tgagtatcac360
tcttgcatatc tggtactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttttagga420
tattaaaggc tctgaaaatt tctgcagtag acccaactga aggttctatt aaggcagggt480
tcctaaa 487
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1902 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

50

```
gaggaaaaag aacaatgaac agcaacgata ttgactgtgc aactcagaca ttctgcaga 60
aaagacatat gttgctttac aagaaggcca aagaactatg gggccttccc agcatttgac 120
tggtcattgc atagaatgaa ttaaatatcc agttacttga atgggtataa cgcattgaatg 180
```

```

tgtgatttta ttaggggcat ctgccaatc tctcactgtg gttccttctc tgactttgcc 240
tgttcatcat ctaaggaggc tagatccttc gctgacttca ccattcctca aacctgtaag 300
tttctcactt cttccaaatt ggctttggct ctttcttcaa cctttccatt caagagcaat 360
ctttgctaag gagtaagtga atgtgaagag taccaactac aacaattcta cagataatta 420
5 gtggattgtg ttgtttgttg agagtgaagg tttcttggca tctggtgcct gattaaggct 480
tgagtattaa gttctcagca tatctctcta ttgtcttgac ttgagtttgc tgcattttct 540
atgtgctgtt cgtgacttgg agaacttaaa gtaatcgagc tatgccaaact tgggggtggt 600
acagagtact tcccaccaca gtgttgaaag ggagagcaaa gtcttatgga taaaccctcc 660
tttcttttgg ggacacatgg ctctcacttg agaagctcac ctgtgctgaa tgtccacatg 720
10 gtcactaaac atgttatcct taaaccccc gtatgcctga gttgaaaggg ctctctctta 780
ttaggttttc atgggaacat gaggcagcaa atctattgct aagactttac caggctcaaa 840
tcatctgagg ctgatagata tttgacttgg taagacttaa gtaaggctct ggctcccagg 900
ggcataagca acagtttctt gaatgtgcca tctgagaagg gagaccagg ttgtgagttt 960
tcctttgaac acattggtct tttctcaaag ttcctgcctt gctagactgt tagctctttg 1020
15 aggacagggg ctatgtctta tcaatcacta ttattttcct gttacctagc atgggacaag 1080
tacacaacac atatttgtgt agtcttctaa aagactcctc tgattgggag accatatcta 1140
taattgggat gtgaatcatt tcttcagtgg aataagagca caacggcaca accttcaagg 1200
acatattatc tactatgaac attttactgt gagactcttt attttgcctt ctacttgcgc 1260
tgaaatgaaa ccaaaacagg ccgttgggtt ccacaagtca atatatgttg gatgaggatt 1320
20 ctgttgcctt attgggaact gtgagactta tctggtatga gaagccagta ataaaccttt 1380
gacctgtttt aaccaatgaa gattatgaat atgttaatat gatgtaaatt gctatttaag 1440
tgtaaagcag ttctaagttt tagtatttgg gggattgggt tttattatth ttttcttttt 1500
tgaaaaatac tgagggatct tttgataaag ttagtaatgc atgttagatt ttagttttgc 1560
aagcatgttg tttttcaa atcaagta tagaaaaagg taaaacagtt aagaaggaag 1620
25 gcaattatat tattcttctg tagttaagca aacacttgtt gagtgcctgc tatgtgcacg 1680
gcatgggccc atatgtgtga ggagcttgtc taattatgta ggaagcaata gatctcggt 1740
gttacgtatt gggcagatac ttactgtatg aatgaaagaa catcacagta atcacaatat 1800
cagagctgag ttatccccag ttagcttctg ttggggattc cagtttctgg gaacgagagt 1860
tagggccatt ttatttaaaa gaaactcccg gttgagaccg gt 1902
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1048 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

55

```

ctcaccgtcg tctacaccgt gttctacgcg ctgctcttcg tgttcatcta cgtgcagctc 60
tggtctggtgc tgcgttaccg ccacaagcgg ctgagctacc agagcgtctt cctctttctc 120

```

```

tgcctcttct gggcctcccg gcggaccgtc ctcttctcct tctacttcaa agacttcgtg 180
gcggccaatt cgctcagccc ctctgtcttc tggctgctct actgcttccc tgtgtgcctg 240
cagtttttca ccctcacgct gatgaacttg tacttcacgc aggtgatttt caaagccaag 300
tcaaaatatt ctccagaatt actcaaatac cggttgcccc tctacctggc ctccctcttc 360
5 atcagccttg ttttcctggt ggtgaattta acctgtgctg tgctggtaaa gacgggaaat 420
tgggagagga aggttatcgt ctctgtgcga gtggccatta atgacacgct ctctgtgctg 480
tgtgccgtct ctctctccat ctgtctctac aaaatctcta agatgtcctt agccaacatt 540
tacttgaggt ccaagggctc ctccgtgtgt caagtgactg ccatcggtgt caccgtgata 600
ctgctttaca cctctcgggc ctgctacaac ctgttcatcc tgtcattttc tcagaacaag 660
10 agcgtccatt cctttgatta tgactggtac aatgtatcag accaggcaga tttgaagaat 720
cagctgggag atgctggata cgtattatth ggagtgggtg tatttgtttg ggaactctta 780
cctaccacct tagtcgttta tttcttccga gttagaaatc ctacaaagga ccttaccac 840
cctggaatgg tccccagcca tggattcagt cccagatct tatttctttg acaaccctcg 900
aagatatgac agtgatgatg accttgctg gaacattgcc cctcagggac ttcagggaag 960
15 gttttgctcc agattactat gagttgggga caacaaacta acagcttcct ggcagaagca 1020
gggacttttg aaagcctcaa agtttgga 1048

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 804 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```

gcccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttcctcccca gcacacctga tggcttaatt 120
cacctagcag ccagttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc 180
45 gtttgtagag tagaccccga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt caggggccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgagaca 420
gccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaagc ctcccctttc ccagcttctc 480
50 atctgccaag ctttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc 540
atgcagaatg gcggagagtg cttgcggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcgcctt tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcaggggc ggaactcggg gagaatctag accagatttc ttcgtgccat 780
55 ccttcagtta agatggcagg aggt 804

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 581 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```

25  tctttgatca gatttagtgt cttaggtaat taaatcagaa agtctattta gctatttctag 60
    aagtgtatgt gtaggtattg ggtggttggg gttctttgag cgaacttgtc agaaactcca120
    ttcttaacat cagaatcagg gcaggattga aaacattgtg gctggatctt gaaattgcta180
    taacatctat tgcagaaaat gataggtcag atggatagca ataataatta tatatcagat240
    cttagtaaca aaattaccaa gctttatcta gtggatatat gtaaaagaat atttttaaat300
30  gtccagcatt gatgtatttt ctttaagaat tattacagta tataagcatt ctttgggaat360
    acagtataaa aacataaatt ttttcgtatt tttaattttt tttatttttt tgggtcaagga420
    tgaatcctcc cctgtaaaat attgattttc gcctaaattt cggggtttcc ctggcacata480
    atagcactgg cccaacttc ggagatggcg gatgcgggta aaaagccaaa aggatggatg540
    gggatccgga aatacgtggt ggaatggaag cgaatccaat a 581

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
tggagatatt agtcagtttc tttagtgata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
ctttgggggtt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
10 aacccccccg ccaggccata gcggtgatgc atgtgcactt ccaccacag aggagggtgt 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggtctg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccttg ccaccacgc acttgctgag 360
gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcattccaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
15 gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aagggtggtt 660
acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttgta tgtgttacta tccaagcct 780
20 ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
catgctcatt taggaagctg ggagtttcgt gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag 1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat 1080
25 tcagtgttta gcacagtget tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140
tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttcctgt tgattcaaaa 1200
ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactggttt 1260
agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggatc ttactgtatt cttgaatgca 1320
ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga 1380
30 actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttaccccacl 1440
tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaattal 1500
aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaagt taacagtatt cctttgaatg 1560
caataataga ggcttttctg cgttaaggga gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc 1620
cccaggcagg tccctttgcc ggcccctaca ggctgggggtg gcccctcctg tcctcagggal 1680
35 tcagactccc agactgggtta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggt attccctggc 1740
cgctcctgag agaaaaccaa cccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg 1800
gcctctcaga acagctccta gaggtgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa 1860
tategggttg ctttttggtt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc 1920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca 1980
40 ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040
ag 2042
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 430 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
10  gttaaaaacc tagtattcat tttttttttt cctgtaccaa aacaatcatc ttcctttatt 60
    tttcctggag cgggaagagg agagtggaga agaagggaag aatgcaaagt gtcactttga120
    acttctcggt caccacacac gtgggagtcg actcatgtca gcagcctccg tgcacaggcc180
    ccagggtgaaa gaaagaatga ggtctagttg gaccagctaa cactgcctgc cttgtgttta240
    cgaaaggcag ctgcctctgt ggtgtgattt caggggagcc agacagggcc ggggccacga300
15  acctgcatcc tgcatacctaa gcacctatct gccatgcggt gaggcctaac ttgggaaact360
    tcaatttgct tgggggtgcag attagctttc caaactattg tgatgctcat gcttgacttc420
    ccaaggactt                                     430
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 592 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```
45  aattaaaata aatagaaaca tacggagatt cttttatggt ggatttatta taccctccac 60
    cattttgggt cctgaaaagg gaaaagatac acggtcgagt agtacaggta tgtgtttccc120
    actacacatt atggctataa tggagttgaa ttgcaaacag taaaattttg ttttggattg180
    gtttcccctg atccccccag acaggagcct cctctcccac cctacctgcc tgcccttaag240
    ttgtgtccta ttaaactgga cacaaatctc accggctttt agtctaataa ttgaatcata300
    gctacacacg gtgacaccag aatagctact tgttttttta tgttaccagt gagtaacttg360
    tttatccttg tatgtagaaa ctaatttcac catgatcaca gatctgtgta acatctctag420
50  tttgaatttc cacacaattt taaaatgtct actaggaaaa cttacacctt tttgttccaa480
    ggggtgctct catctattaa aaccgtgggg gcatacttcc agtggttgctt ctgagggcca540
    aattttgtgg gtcgtggggg acaattttgt attaacatac gttattttgt aa 592
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 674 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```
25 aaggccgcgc aagtgcactt gcgtgtcacc gttaccgtag cgactgggct tctggactgt 60
   atatcctagc tgccttgtea acatcttcga gcatcggcag ctccggaggc cggggtaact120
   ggcagcaggt aggaaactat gtgaaagaat ctctgatgt cataatttcc ggggtgtcacc180
   ggaacatttg atcatcattc ctttggcaat tccagccttc tgtggaaagg ccagtagaaa240
   gcattgattt attcacctct acaggaatca gactcagcct cttttggttt tcagtgaagt300
30 atgccttttc aatttggaac ccagccaagg aggtttccag tggaaggagg agattcttca360
   attgagctgg aacctgggct gagctccagt gctgcctgta atgggaagga gatgtcacca420
   accaggcaac tccggagggt ccctggaagt cattgcctga caataactga tgttcccgtc480
   actgtttatg caacaacgag aaagccacct gcacaaagca gcaaggaaat gcatacctaaa540
   tagcaccatt aagtcttttg tcaaggctct actaggtcaa gggtaatgga ccagtatcat600
35 ctggtgatct ggtaaacaaa taaaagtggg ggcaccttta gatgatgaaa aaaaaaaaaa660
   aaaaaaaaaa aaaa                                     674
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 324 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
10 gttcttttca ttccatcact ttaggtgatg ggtaagattt ttgaaagcct tatatTTTTT 60
    gattttgttg tctagtttaa tcctacctt aatagttgtg ttggtaaaa ttcccacttg120
    aatgtgacac tgataataat tatgctgatt tttagcatct cttataggaa tcaaagttta180
    ttaaagttac atagaggatt gaaaaatgta tatcactcaa tttttatcta aggagggata240
    gggataaaag ggaggtacct aaatagctca aataatggat ataatccttt tttccataac300
15 catttgggat gctttaaggc aatt                                     324
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 709 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```
45 ggatgcggca ctataacatc cccgtcagag tgtgtgagga gaccagtcta tgagagacgc 60
    atgctcctga cagcctggcg acgtggcgaa gatgcacagg tggctcctgg gcttgggctg120
    caggtttggg ggtctctaag aacaatctct gagaagaacc cttgggcccc tgggagcca180
    gttggacagg atgtcctgaa gactagcttt tgataagaga aattaaccaa gtctttcccc240
    tcatctatga tgcaatatat ttcagtgggg gccttcagag cacacctgtt ggacggtgca300
    aaccatatct tctccagaag gcaaatactt ttgtatcaga ggaaactcag ttttggagag360
    gaatatgttc tttatatctc aaatcaaaac tctctctaag ggtaaactgg cttctaattt420
    ttttaagtac agtatTTTTT tttccccttt agtagtaacg ggtttctata gatcttccta480
50 tacagtctgc tttaactcag gaccttgaga ttatgagact gacgtgctgc ccactgcact540
    gagggggctt ctaacagtct gctttaagtg gtataattct gggatagatc tgttactggc600
    atagtcatga caacctctgg taatcttacc ttctcctttt tatgaaggga agagcaatgg660
    tttgactta catctaaatt aaggctattt taagcagatt gttttgcaa 709
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 562 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```
25  gtccagatgg aatgactccc atcctctcct catctcccct ttgacgagcc tcaaactgct 60
    cagctcatca aagagccatt gccaacttcc gtatgtggtt ctgggtccca gggagccttg120
    gaacctggca ccctgggggtg gtttaattcc ggcacgagag cattcctgct tctcaagggal180
    cacagtggcc tgcattggcc agcatggacc ctgggctgat catgtgcatt cctgcttctc240
    tggggacaca gtgggcccac atgggccagc atggaccctg ggctagagca agcacatctc300
30  catctcttcc acctcaggca gtgtggctcc agatgtcagg agggactgac ctcaggacct360
    tccagggttc tctgtgccag gaatgagagg ccaggcccga tcctaccacc tcgccttgac420
    cctgaagtca gagcaggcca gccaagcagg aagcacactg tttaattttt tgcattggaaa480
    gtaaatgtgt actttgatag ggtaaaata tggctttttt taagttgctc aaccccataa540
    ttgagccat tgccttgctt aa 562
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1948 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```
gatcaccaag acacacaaag tagaccttgg gctcccagag aagaaaaaga agaagaaagt 60
ggtcaaagaa ccagagactc gatactcagt tttaaacaat gatgattact ttgctgatgt 120
ttctccttta agagctacat cccctcttaa gagtgtggcc catgggcagg cacctgagat 180
10 gcctctagtg aagaaaaaga agaagaaaaa gaagggtgtc agcacccttt gcgaggagca 240
tgtagaacct gagaccacgc tgcctgctag acggacagag aagtcaccca gcctcaggaa 300
gcaggtgttt ggccacttgg agttcctcag tggggaaaag aaaaataaga agtcacctct 360
agccatgtcc catgcctctg gggtgaaaac ctccccagac cctagacagg gtgaggagga 420
aaccagagtt ggcaagaagc tcaaaaaaca caagaaggaa aaaaaggggg cccaggagcc 480
15 cacagccttc tcggtccagg acccttgggt ctgtgaggcc agggaggcca gggatgttgg 540
ggacacttgc tcagtgggga agaaggatga ggaacaggca gccttggggc agaaacggaa 600
gcggaagagc ccagagaaac acaatgggaa ggtgaagaag aaaaaaaaaa tccaccagga 660
gggagatgcc ctcccaggcc actccaagcc ctccagggtc atggagagca gccctaggaa 720
aggaagtaaa aagaagccag tcaaagttga ggctccggaa tacatcccca taagtgatga 780
20 ccctaaggcc tccgcaaaga aaaagatgaa gtccaaaaag aaggtagagc agccagtcac 840
cgaggagcca gctctgaaaa ggaagaaaaa gaaggagaga gagagtgggg tagcaggaga 900
cccttggaag gaggaaacag acacggactt agaggtggtg ttggaaaaaa aaggcaacat 960
ggatgaggcg cacatagacc aggtgaggcg aaaggccttg caagaagaga tcgatcgcga 1020
gtcaggcaaa acggaagctt ctgaaaccag gaagtggacg ggaacccagt ttggccagtg 1080
25 ggatactgct ggttttgaga acgaggacca aaaactgaaa ttctcagac ttatgggtgg 1140
cttcaaaaac ctgtcccctt cgttcagccg ccccgccagc acgattgcaa ggccaacat 1200
ggccctcggc aagaaggcgg ctgacagcct gcagcagaat ctgcagcggg actacgaccg 1260
ggccatgagc tggaagtaca gccggggagc cggcctcggc ttctccaccg ccccaacaal 1320
gatcttttac attgacagga acgcttccaa gtcagtcaag ctggaagatt aaactctaga 1380
30 gttttgtccc cccaaaactg ccacaattgc tttgattatt ccatttatgc tggagattac 1440
aaattttttt tgtgaaaaaa tcagatcttg gtgaggacct cgagcagtaa gatataaata 1500
actcccataa gcttagcggt ccagtaatgg aacactaggc ataatgggt tattcagttg 1560
tgcaaatgaa agccatctga cagttggctc acattgaaca cctgtggaga ttaaggacga 1620
35 ggacaactat attgatgggc ttggatgaac tggggcaggg cagctcatat ttcgggagcc 1680
aggagaacga gtgagtgcta aaacctcctg tttctgtgt taaacattcc gtccctgttt 1740
gagacatcag tatgtacagt taacttttgt tgagtgttta gcaggtaata gggacatact 1800
agtgttttcc ttaatgtatt taactttcat aattatgaaa tgggtgctat tattagcccc 1860
atcttataga tgaggcaact gaggttcagg gataaagtaa taaaattgcc tggggtcacc 1920
40 cagccactaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1948
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 483 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

10 aatttatggg gtctatcttt gaccacgtga taccacttac ctgattctat gtactgatta 60
atgtatctaa cagttttata gtgaaagtac tttttaaaaa agtatttgaa tgggtcatttc120
tatttttccc ctttgctgt acaagttaat ttttactcat ctttgctgt acaaattaac180
tttcatcaat acaaataaga ggctagtgtt aagtcaattt atttgcattg agcccaggaa240
caattaaatt ctataaagta atgtattaaa atagtacact ttaaaaatta ttttccttct300
ttttttctct ttaaatttta agaccatcat aataaattat cattacaaag tcaaacatac360
15 tatatactac tatcagtcaa tggggaaaaa ataagtccat atgttttatg ggtaaaatgc420
tgtaatagat tgggattgtc caatttgcct tgaaaaaat cacagcagtt tttagggtttc480
cct 483

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 437 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

45 cccgcttgag gcgtaggggg tggcgctctc cgttcggcgg cgctcccatg gcgcacatta 60
ccattaacca gtacctgcag caggtgtacg aagccatcga cagcagagat ggagcatctt120
gtgcagagtt ggtgtctttt aaacatcctc atgttgcaaa cccacgactt caaatggcct180
ctccagagga gaagtgtcaa caagtcttgg aaccccccta tgatgaaatg tttgcagctc240
atttaaggtg cacttatgca gtggggaatc atgacttcat agaggcatac aagtgccaga300
ccgtgatagt ccaatcattc ttgcgagcat tccaggccca caaagaagaa aactgggctc360
tgctgtcatg tatgcagtag cgcttgacct ttcgagtgtt tgccaataat gcagttcaac420
50 cagttggtta aggaagg 437

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 359 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```
cagatctagg ggcttcagct gtgtgcagac cccatgccac ttcagggaag tgacacaggc 60
ctgtgtcatc tcgctttggc agcaggtggg tggccttcct caggggagga ggtggcctga120
gatgtgtttc aggtccttga cccatcactc cctacacaca cgacgtgaac accactcctg180
gagcattctc agaatggaga tttgaattcc atgtggcagc ttctcacaca caaacctgcc240
atcattcccc acacacccac tcacgacatt caacagccat gagccaaaag aagttccttg300
tttcagattt gaagggttta tgaatccact tcttcggat gtagctcttt aatgatttt 359
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 501 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

tcggcgtcac atcctgagtc ggcctctctgc cgaggcggag cggacatgca ggctccccgc 60
ggcaccctag tcttcgccct ggtgatcgcg ctcgttcccg tcggccggga accttctagc120
5 caaggatctc agagtgcctt acagacatat gagctgggaa gtgaaaacgt gaaagtcctt180
atttttgagg aagatacacc ctctgttatg gaaattgaaa tggaagagct tgataaatgg240
atgaacagca tgaatagaaa tgccgacttt gaatgtttac ctaccttgaa ggaagagaag300
gaatcaaadc acaacccaag tgacagtga tctaaacct gaatggcgct catgttttcc360
aagagaagca gccctgagg gagtctgctg aggctgccaa cagaggatga agaggataca420
10 aatttaatta atttcaaadc aacatagaca caagaacct ttgctgtttc ttccaacgcc480
cactcttcct aatgatggca t 501

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1102 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

cgggatctcc cgaaggaatt tacggggatt cctcggacca ttatcctcag gcaagaaaca 60
aaaccaaact tggactctcg tgcagaaaat gtagcccat accacatgta gccttggaga 120
cccaggcaag gacaagtaca cgtgtactca cagagggaga gaaagatgtg tacaaggat 180
40 atgtataaat attctattta gtcattctga tatgaggagc cagtgttgca tgatgaaaag 240
atggtatgat tctacatatg taccattgt cttgctgttt ttgtactttc ttttcaggtc 300
atttacaatt gggagatttc agaaacattc ctttcacat catttagaaa tggtttgct 360
taatggagac aatagcagat cctgtagtat ttccagtaga catggccttt taatctaagg 420
gcttaagact gattagtctt agcatttact gtagttggag gatggagatg ctatgatgga 480
45 agcataccca ggggtggcct tagcacagta tcagtaccat ttatttgtct gccgctttta 540
aaaaataccc attggctatg ccacttgaaa acaatttgag aagttttttt gaagtttttc 600
tcactaaaat atggggcaat tgtagcctt acatgttggt tagacttact ttaagtttgc 660
acccttgaaa tgtgtcatat caatttctgg attcataata gcaagattag caaaggataa 720
atgccgaagt cacttcattc tggacacagt tggatcaata ctgattaagt agaaaatcca 780
50 agctttgctt gagaactttt gtaacgtgga gagtaaaaag tatcggtttt attctttgct 840
gatgtccttt ctgcttgaaa taacagtcac catacagcta aaggagagga gtttctttcc 900
ttctaagtag gcagaaatgg tatcattatg ttgccgctct ccaatctccc agagctcgct 960
ctctagagaa tcaccttctt tcgcgttttt tttttttttt gagggtagga gtctcactat1020
gttgcccaaa gactaggcct gggaactgtt ggggggcaaa ggggattgct cccgtcccgc1080
55 aggcctcccg agtaggccgg ga 1102

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 306 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```
gaccaacctt ccctgccatt tatacggcat aaaaccctca atctcaccag tatggctacc 60
aaaattatag gttcacctga aacaaagtgg attgatgcaa cttctggaat ttacaactca120
gaaaaatctt caaatctatc tgtaacaact gatttctccg aaagccttca gagttctaata180
attgaatcca aagaaatcaa tggaattcat gatgaaagca atgcttttga atcaaaagca240
tcttgaatcc attttttttg aaaaacctta aaaagggcga tcacaatttt tttgaacaag300
ggtcat 306
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:105

```

5  tggagatatt agtcagtttc tttagtgata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
   ctttgggggtt tttggaatcc ggatgctggt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
   agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
   aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacag aggaggggtg 240
   gaagccttga gaacctcaag aaagggctgg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
   actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccaccacgc acttgctgag 360
10  gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcattccaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
   agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
   gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
   gcagctcact gacaggggtg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
   ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aaggtgggtt 660
15  acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
   aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttgta tgtgttacta tccaagcct 780
   ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
   ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
   catgctcatt taggaagctg ggagtttcgt gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
20  ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag 1020
   agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat 1080
   tcagtgttta gcacagtgt tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140
   tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttcctgt tgattcaaaa 1200
   ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactggttt 1260
25  agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggatc ttactgtatt cttgaatgca 1320
   ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga 1380
   actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttaccccac 1440
   tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta 1500
   aatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaagt taacagtatt cttttgaatg 1560
30  caataataga ggcttttctg cgttaaggga gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc 1620
   cccaggcagg tccctttgcc ggcccctaca ggctgggggt gccctcctg tcctcaggga 1680
   tcagactccc agactggtta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggt attccctggc 1740
   cgctcctgg agaaaaccaa ccccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg 1800
   gcctctcaga acagctccta gaggtgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa 1860
35  tateggtttg ctttttgttt tgggggagag gatttagcct ctacttccc tgatggattc 1920
   aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca 1980
   ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc ccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040
   ag

```

2042

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 320 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

aatcttttta ccatgaaatt tcttccagaa ttttcccct ttgacacaaa ttccatgcat 60
gtttcaacct tcgagactca gccaaatgtc atttctgtaa aatcttccct gagtcttcca120
10 agcagtaatt tgccttctcc tagagtttac ctgccatttt gtgcacattt gaggttacagt180
agcatgttat ttacaattg tgactctcct gggagtctgg gagccatata aagtgggtcaa240
tagtgtttgc tgccttgaga gttgaatgac attttctctc tgttttggta ttactgtaga300
tttcgatcat tctttgggta 320

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 506 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

gtcgaacagc aaagccaaga cttgttaaaa aggtttgaag aggaaggacc ataacaattg 60
40 aaagggggaa attataagat acagtaaatt cctcttcaaa gatttagcct gttgacttcc120
ttattctttg ttctcaaact cgacttcctt gttgtccatg cctccttgtc cctagttact180
gtgaacaacc ttcccaccag ttctaataca taactcacat ctgctccctt gggtaccac240
tctgcaccca ttcttcccac tgaaactgca cttcccacca ctgtaactca catccccctt300
cccttcctta tttggaaaag tattcacaaa tagccaatcg ggtcaactta gaatgagcgg360
45 tccaaccca gccctgggg gagtgacaca gaggtaggga ctgtgttagg gataaaaacc420
tttccctttc tttgttcagt gtgctgctgt gatcatgatt gatgcaggca gcagcctttt480
tgcagaagta aattgccttg ctgagg 506

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1276 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:108

```
20  gcgcggccgg  cgcctgcggg  gcgagagggg  cggggcgaag  gggaagctac  gtcccggagg  60
    tgcggtgtgg  ggcaccgggc  ggggccgcgg  gaaccggcgc  cccacggagc  tgctgctgtc  120
    agaccaaccc  cgggccccca  tcatactgc  gccgcgcttt  caggcgccga  gaactaccgt  180
    tcccggcatg  ccatgaaatt  ggcctcggcg  ctgaggcggg  gtccggccct  ccaccgctc  240
    ccgccgcgcg  cgaatcgcg  tcgcgagcca  tggaggagga  ggcatcgtcc  ccggggctgg  300
25  gctgcagcaa  gccgcacctg  gagaagctga  ccctgggcat  cacgcgcata  ctagaatctt  360
    ccccaggtgt  gactgagggt  accatcatag  aaaagcctcc  tgctgaacgt  catatgattt  420
    cttcctggga  acaaaagaat  aactgtgtga  tgctgaaga  tgtgaagaac  ttttacctga  480
    tgaccaatgg  cttccacatg  acatggagt  tgaagctgga  tgagcacata  attccactgg  540
    gaagcatggc  aattaacagc  atctcaaaac  tgactcagct  caccagctct  tccatgtatt  600
30  cacttcctaa  tgcacccact  ctggcagacc  tggaggacga  tacacatgaa  gccagtgatg  660
    atcagccaga  gaagcctcac  tttgactctc  gcagtgtgat  atttgagctg  gattcatgca  720
    atggcagtgg  gaaagtgtgc  cttgtctaca  aaagtgggaa  accagcatta  gcagaagaca  780
    ctgagatctg  gttcctggac  agagcgttat  actggcattt  tctcacagac  acctttactg  840
    cctattaccg  cctgctcatc  acccacctgg  gcctgcccc  gtggcaatat  gccttcacca  900
35  gctatggcat  tagccacag  gccaaagcaat  ggttcagcat  gtataaacct  atcacctaca  960
    acacaaacct  gctcacagaa  gagaccgact  cctttgtgaa  taagctagat  cccagcaaag  1020
    tgtttaagag  caagaacaag  atcgtaatcc  caaaaaagaa  agggcctgtg  cagcctgcag  1080
    gtggccagaa  agggccctca  ggaccctccg  gtccctccac  ttcctccact  tctaaatcct  1140
    cctctggctc  tggggaaacc  ccaccgggga  agttgaggca  cccttccttc  caatttgctt  1200
40  aaccagtttc  caggagtggg  gtgggttttt  ccgtggcaca  gggtggggcc  ttaggggggg  1260
    ttggacgttc  catTTT  1276
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 373 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

15 aaatacattt atgtttcttg aaatgtgtta agtggccttt gtcaaggtgt ttataataga 60
agagtatata aaaatgaatt tctctagaga tgcagcatat tctaaagatc catcattaga120
taattaaaaa tatgtaagtc atgctaacaat ttccatatat aaatggagaa cattaactct180
cctactgttt agttataaaa taccaaattt tgtaattatc ctatctggaa ttacactata240
ctgcaaaaat gccagttact tcacttttaa atttgacaat gtatgtgatg aattataaaa300
tttaatagcc tacatctttt cctccttgta tccaaatttc tccggacctt aatgcttaaa360
ccttttggtt acc 373

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 492 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45 gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tgggtcaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa ccccagtggc cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240
50 ggctgatatt cagcctgagc tggttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaacattt tgagtatcac360
tcttgcatatc tggtactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttaggaa420
tatttaaagg gctcttgaaa attttctggc attagacca actgaagggt ctattaaggc480
agggttccta aa 492

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```
gcctcagcag actccttggg cggtagcagg gagatgggtgc aacggcccca gcctgcacag 60
gaaccgagca ggcttgatc tgccaaccat agacacggga tatgattccc agccccagga 120
tgtcctgggc atcaggcagc tggaaaggcc cctgccctc acctccgtgt gttaccccca 180
ggacctcccc agacctctca ggtccaggga gttccctcag tttgaacctc agaggtatcc 240
agcatgtgca cagatgctgc ctcccaatct ttccccacat gctccatgga actatcatta 300
ccattgtcct ggaagtcccg atcaccagggt gccatatggc catgactacc ctcgagcagc 360
ctaccagcaa gtgatccagc cggtctctgcc tgggcagccc ctgcctggag ccagtgtgag 420
aggcctgcac cctgtgcaga aggttatcct gaattatccc agcccctggg accaagaaga 480
gaggcccgca cagagagact gctcctttcc ggggcttcca aggcaccagg accagccaca 540
tcaccagcca cctaatagag ctggtgctcc tggggagtcc ttggagtgcc ctgcagagct 600
gagaccacag gttccccagc ctccgtcccc agctgctgtg cctagacccc ctagcaaccc 660
tccagccaga ggaactctaa aaacaagcaa tttgccagaa gaattgcgga aagtctttat 720
cacttatctg atggacacag ctatggaggt ggtgaaattc gtgaactttt tggttggtaaa 780
tggcttccaa actgcaattg acatatattga ggatagaatc cgaggcattg atatcattaa 840
atggatggag cgctacctta gggataagac cgtgatgata atcgtagcaa tcagccccaa 900
atacaaacag gacgtggaag gcgctgagtc gcagctggac gaggatgagc atggcttaca 960
tactaagtac attcatcgaa tgatgcagat tgagttcata aaacaaggaa gcatgaattt1020
cagattcatc cctgtgctct tcccaaatgc taagaaggag catgtgcca cctggcttca1080
gaacactcat gtctacagct ggcccaagaa taaaaaaaaac atcctgctgc ggctgctgag1140
agaggaagag tatgtggctc ctccacgggg gcctctgccc acccttcagg tggttccctt1200
gtgacaccgt tcatccccag atcactgagg ccaggccatg tttggggcct tgttctgaca1260
gcattctggc tgaggctggg cggtagcact cctggctggg ttttttctgt tcctccccga1320
gaagccctct ggcccccagg aaacctgttg tgcagagctc ttccccggag acctccacac1380
accctggctt tgaagtggag tctgtgactg ctctgcattc tctgctttta aaaaaaccat1440
tgcaggtgcc agtgtcccat atgttcctcc tgacagtttg atgtgtccat tctgggcctc1500
tcagtgttta gcaagtagat aatgtaaggg atgtggcagc aaatggaaat gactacaaac1560
actctcctat caatcacttc aggctacttt tatgagttag ccagatgctt gtgtatcctc1620
agaccaaact gattcatgta caaataataa aatgtttact cttttgtaaa aaaaaaaa 1678
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:112

```
gtcgccatga ctgccaagga ctgctccatc atgattgcac tgtctccctg tctgcaggat 60
gccagctctg atcaaaggcc tgtggtcctt tcatcgaggt ccaggtttgc cttttccgtg120
tctgtgctgg accttgacct caagccctac gagagcattc cccatcagta taaactggac180
ggcaagatcg tcaactatta ttcaaagact gtacgtgcca aagacaacgc cgtgatgtcg240
actcggttca aggaaagcga agattgcaca ttagttctcc acaagggtcta actctttccc300
tgcagtgtct ttgaaacttg aacataatgt gaaggctgaa tgatagagat attttctgtt360
gtggtgggtg acctttggtt gtgaatgttt ttgcttttaa ccccttttga ggtgggattg420
cctcttgagg acatggaatt gaagagcact agaaacaact tcctggacaa ggaatgtagg480
aagtgagtgc tgtgtcccag gaagctgctc acactcttaa aatggaagtg tccgttaagc540
cctgggaaga cgttctggat agttcttctt tcccaaccag ggctcatgtc tgattctcta600
atgcgaaaag ccttattcta agaccaagg tttggatctg ctaccaccag actcctaaca660
tagaaaactt gaattgtcac atacatttta cagtttgagc ttttaagaaa acatggatac720
tactgggaac ttccccagc tgagttacat gggcactttt tcagtgaag ccacatatca780
acacagggtt ttaagggtgg tgcttggtg cacacgtgaa ccccggtggc cccagatgc840
cgattctgag ccagtgtaga cccagg                                     866
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

10

gcgcggccgg cgctgcggg gcgagagggt cggggcgaag gggaagctac gtcccggagg 60
tgcggtgtgg ggcaccgggc ggggccgcgg gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120
agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180
tcccggcatg ccatgaaatt ggcctcggcg ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240
15 ccgccgcgcg cgaatcgcgg tcgcgagcca tggaggagga ggcatcgtcc ccggggctgg 300
gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctgggcat cacgcgcatc ctagaatctt 360
ccccagggtg gactgagggt accatcatag aaaagcctcc tgctgaacgt catatgattt 420
cttcctggga acaaaagaat aactgtgtga tgcctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480
tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540
20 gaagcatggc aattaacagc atctcaaac tgactcagct caccagctc tccatgtatt 600
cacttcctaa tgcaccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgatg 660
atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
atggcagtgg gaaagtgtgc cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780
ctgagatctg gttcctggac agagcgttat actggcattt tctcacagac acctttactg 840
25 cctattaccg cctgctcatc acccacctgg gcctgcccc gtggcaatat gccttcacca 900
gctatggcat tagccacag gccaaagcaat gggtcagcat gtataaacct atcacctaca 960
acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat cccagcaaag1020
tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtccctccac ttcctccact tctaaatcct1140
30 cctctggctc tggaaacccc acccggaagt gagcaccct ccctccaact ccctaccagc1200
tccagagtgg tggtttccat gcacagatgg ccctaggggt gacctccagt tttgcgtgtg1260
gaccgtaggc ctctttctag ttgaatgacc aaaattgtaa ggcttttagt cccaccgaca1320
ttagccaggc tcgtagttag gcctccagag caggttgtgc tgtccctgc ctctggaagc1380
aatggggaat gtggaatcaa gacaatgccc aaaaaatttt taatgcagct ggtc 1434

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

(A) LÄNGE: 914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

5
ttggcagcgg ggagagggaa agaggaggaa atgggggttg aggaccatgg cttacctttc 60
ctgcctttga cccatcacac cccatttcct cctctttccc tctccccgct gccaaaaaa120
aaaaaaaagg aaacgtttat catgaatcaa cagggtttca gtccttatca aagagagatg180
tggaagagc taaagaaacc accctttgtt cccaactcca ctttaccat attttatgca240
10 acacaaacac tgtccttttg ggtccctttc ttacagatgg acctcttgag aagaattatc300
gtattccacg tttttagccc tcaggttacc aagataaata tatgtatata taacctttat360
tattgctata tctttgtgga taatacattc aggtgggtgct ggggtgattta ttataatctg420
aacctaggta tatccttttg tcttccacag tcatgttgag gtgggctccc tgggtatggta480
aaaagccagg tataatgtaa cttcacccca gcctttgtac taagctcttg atagtggata540
15 tactctttta agtttagccc caatataggg taatggaaat ttcctgccct ctgggttccc600
catttttact attaagaaga ccagtataa tttaataatg ccaccaactc tggcttagtt660
aagtgagagt gtgaactgtg tggcaagaga gcctcacacc tcactagggtg cagagagccc720
aggccttatg ttaaaatcat gcacttgaaa agcaaacctt aatctgcaaa gacagcagca780
agcattatac ggtcatcttg aatgatccct ttgaaatttt ttttttggtt ggtttggttt840
20 aaaatcaagc ctgaggctgg gtggaaacag gtagcctaca caccctaat tgggggtggt900
cccgggggaa tggt 914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

25
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 685 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

gaaaatccag ggggtgaagaa tagatctgtg gtggcagggg tgggaaaggc ggggaggatt 60
tgcctactga ggggcagcac aagagaattt tgcggggcga tggatctgtc tgtatcttga120
50 ccatagtgat gatacatgac tgtgcatttg tcagaactca caggactgaa tgaaaagaga180
agtgaatttt actgcatgtg aattgttaaa ataatgcta gacagtattt taaaaatcaa240
gccagatcc tgcaagacat tatggctccc caccagaagg ggagagacgg ggaaagagaa300
gtgtcccaa agttaacca cgttccctgg gaccacctc cctccccact gccacttccc360
accagcctca cgcacgggcc aggcccttcc ctttgagct cacagcccag cagatgttag420
55 gtcagaatgc gtccctcac ttgactaaag gtttacagcc agcagggtgg gaaatgaacc480

agatattaac acccctcct ccatgccctg cccaccttct gggccagtac cagtgaaggc540
aggaagccac ttctcccacc cccaggctgt tcccaaagcc ctggaagaac ccaaggaaag600
gcaggagcca agttgggagt tgacctgat gaccaggggc cagttggccc agtttccctt660
gtttagttgg ggggagggaa ccctt 685

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 2646 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

30 ttaatttaat agctttcatg tgattaaaaa tagctaacta gactcaagga ttcacaatat 60
ttaggtgtat tttcaatacc tccagaaagg aaacctcagt taatcagagg aaatagtttc 120
agtcttcatt tgagcatgtc tttccatctc aaaaaaatac tcttagtagg ttggagtga 180
gatagcaagg ttttgaagca tatttgtcct aatccacagt gacacttttt atcttccagg 240
agcactccta ggaggttccg tgcctaatca atgttgactg ctttgcagat ctcaagggaa 300
35 taaaatgaca aaagcaggga aagttacaga ttcaaacagc attttaactc atgttgatct 360
ggataattaa tcttttctaa agatgtgtag tttcttggaa aacagtgata tcacatgatt 420
aaaattacat ttttatcaac ataattgtct ggaaaagata agccctcaa ttttctacca 480
gttgactttt attcattaga tacagaagggt gcagtattac acatcaccag ctgcctttgt 540
gaatggctca ctacacagcc attggggtag aactgtgtgc atgggcagaa acagcaagt 600
40 cctcattgt ggtcattggg tggggagtgc cttttgtcaa ggagtctgca ggaattggct 660
tatttctgta tgccaaagt atcaacacac caaagtctct gccataaaga atgtggcttc 720
cttgcatcct ccatcctgtt actctgggcc cagtaatttg atgtaactgt ctgattgtac 780
tagagacagg agtataccca gcttattcat aatcaagtaa agagactcag attagatttg 840
attttttagc ctctctaga gccaatcagg cagttaagag taataaagga aaagggtttg 900
45 gtcacaaacc ctaccattat ctggagatta ctctctgctg cactcctgtc ttgccatgca 960
cgtcttgccc cctcactttt gctcagccta gcagtctact tcactttatt gccttgtaag1020
tgtcaggcct cctgggcgct ctggaaaaga caggagcca ggccctctca cccctactgg1080
taacaggcca ttgctgggtg cacaagaggg aggtgatttg catcatggc atgctgcatg1140
ggcttcactg ggatgctgtt aaacaccaga ggagccaacc tatcagaatc ccagcagcaal200
50 aggaaaactc agatttttaga ggctttttac aataaagtag cgtaactcta ggtcatgatt1260
gatttcaaat gcctgccatg aatgatttgt aagtaattat gtaggatcca tcaaagcagt1320
attgtaggct tttgaattgt cccagtggat cggggacccc atttactgt ctctcttgat1380
cgtgttaatg atgcaatcag agttcaagac agggcccatg aagtctgact gcactgggat1440
ggagaaatga atttcttccc actgaaggaa actctttctc attcgcagcc aagacgggag1500
55 tgccactgtt cctctcttca ctcttgagat actgcttctg gaagcgggtg tcacttcctc1560
tctagtacct cttctcttct ctgaagtgtg tgactatctc ctagtgttta aatttggcag1620
ttactcgcca tgtatgtcag catagaaaag gaaatgtttt taccttatct cctgtatgta1680

tgatagaact taaaagaaat gtgcatttgt tttcatagcc ccagcagaga aaatcctctt1740
catagattaa atgtgctgct gtggacagga gggaaaaaaa aaccctctac atattgaaag1800
gcaccaaagt taatatctga cactgttaag atgccccaaa gagcaaagtt gtagtggaga1860
tgcaggggtca tttcccatg ccatccacag tgtttgttag tgagtccacg gctgacttgc1920
5 agtgataaag aaaagcatgg agctgtgtct gcagacaatg gtggctgcat ctgtaagtgg1980
cttcagaggc agcagccctg gggaaattga tgggtgtggc agtggacctg tgaagaggga2040
gaatctagcc ttcagcctgt ccagtgttaa ccactagaga aactgagctt tatatccttt2100
tttaatgcct gtgaatttta gcatattgaa acattagagc aaatactcag gggattttttc2160
attaaacatc cctcagataa tttagctata tatcattaga aagggaagc tatcattttt2220
10 attttaaaac taaacaaggc catcttataa actgtcacca aagtcttccc ttttttattg2280
catgtgtgcc ttgaatttca taaaacatta attcacaatg ggggtcagaa tgtactcttg2340
ttgaaacact tcttgtacca ttttatgttc atattatgtt tgagagggtg aaaatgtatg2400
agcagcttaa ctgaagtaga actattcatg atgcttttca cacattgtgg cataagatgt2460
aaagtttgta attaatgtta atttctgtgc attttaatat tcttttataa ttattaatgt2520
15 taatttctgt gcattttaat attcttttat aattatgagc attttaataa attcattttt2580
acaaacaata aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggaagggaaa aggaagaagg aggggggaag2640
aggaag 2646

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2667 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

ttatcttgga agtctgtgta tcaaaatgaa gaattcagat ggtaggaggt tctatagtcc 60
45 ttttaaagct gactcttgag tgtcagttga atatccatta aattggattt ggaaataacc 120
tgaggaaagt attatgaatt cgatctgcac agatgcctct tagctgatag gtggcaggcc 180
tgtggggttg ggttctccct cttttctctg gaacatatga caattccaga ttaaagaaaa 240
atgtttttta ataaataccc ttggtctttc ttctagtcac ctttgaggta gatattgtga 300
ttttctggag tatagtatat ccgtgtctct gtgtcttagg tttactagat gcaataatac 360
50 ttctctttga catttgtact gaagtgattt gatattaagt aaaacagtta atgtttgaat 420
ataggcatat ttatagggtt tttccgctcc cccccaaccc acccttttta aaaaatctat 480
acaaagccct tgtttgagtc tcatcatgca catcaaatca tggagttagg tcttctctga 540
gctcagggga acacaagtgc acagagagag atgtcttgag ggtcactacc aaagaattac 600
cctcattgtc cctcactcag gccatgtgta catgcgatgc tgctgagtgt gctggggtgg 660
55 gtgggtggcca cgtgggtccc ccagagcact tcctaactgg caagctggga gaccattac 720
tggtgaactt tgtggaaatt agaactgtat cttttacata atcttggcat attacatttc 780
ataataaaaa catacattta gttgcatgct acatcactat tgattttata attaatttct 840

```

taagcttcaa ccatgtttta taccttattt cgttacatca tatatttgta atgtgtaata 900
tgaaatcttt tgctttaatg tcttttttta aaatgtagaa tggtctaaac ttgaaaggca 960
attgaatgta gtatgatgaa aatgtgaatg ttttgctgct ttcattgacca aagatacagg1020
gctagtggac atttagaata ataattaaag ctagagtctt gtatgtcttt tctttgaagg1080
5 agttctaacc ttgtaaattg agaatgactt cagagaattt tgattaagaa aacattaaaa1140
tcttaaccgg cacaaacact ccaatttttt tcactgtgaa gccgcaagca attttttttcl200
tttttctttc aaaagcctgc cttctgaatt tatttcttgt ttactcattt cagagagggt1260
agtaaagaag atctattttt ggtagtcata tcgcttgaaa ggtattggta aatgtgtttt1320
cagtcgtgac catgtggaaa gtgaacagtg ttggcaaaca ttaccgagaa aatcatgctt1380
10 ttcaagatgc ccttgctttg ggatatcctt cctagggaga aaaaaaaaaa gtagtttaac1440
aattgtgaat tccattttct atttcagttt ctgctgcagt aatgggttcc caccactat1500
aattcccagc atttatgttc tgttgatttc tccccttagc ccagtaacat ttttatctaa1560
taccaccattc cccaagtttt gagacagatt gacccctac tcattatgtg gctctagttg1620
aattttaaaa tgtggaatat tgggcttgca ggcagtagga gctgcaaate tggtagagt1680
15 ggagtgtgga gttaatggtg agtatgttaa taaagggaaa ctgtctctga cagaatctca1740
gtaatgttta ccaaaacatg tctttctaca gctggttaga taaatgatgc taccctgtag1800
ctcagctaca ggctgcagtg caaacttttc ttccatccag agaaagcaga attccctcct1860
agtaacctca ttacaaatac tgttactaga agggcatgtg ctgtctgtca ctttcagtaa1920
tatttgtgcc atctcttgat gactgatgac ctggatcgag tatttctatg aagggtcttc1980
20 ttaggccccct tacatacgca agaggggtgc tctagtcca tagctgtagt tcacaggaag2040
gacaccagga gaagttatac ctagggctac tgagcagctc atcatccctg tttctgcaca2100
gtttcctgaa actggccatc agggcctctg aggcactcaa atcagtttac ttttagcatg2160
cccccatcag ggtgggtctc actgttagtg aggatacggg tctggtttga tgtttttcta2220
ggcaaaatgc ttaagtgttc tggttatgcc attcattcat acgatgtgtg aaatttgctt2280
25 aaaagggaat tttcatgatt tgatttagat tagtatttaa atatctgctt tagatagcaa2340
ttaattttat tgtaaaaaata aggaaaaata tgtgaatatg tgaatttttt aagcctgaga2400
gatgatagaa tgttcccata tttttcttgt aaagaaaata atatttttaac ttacacatcc2460
tgtagaaaaat accacctttt ccccttgat tacagtacaa tgtttacatt actatactgt2520
caagctgaaa gtataaaaaa tgtacatata cattttgagt tatgtatcct ttttttaaaa2580
30 aaagggtcgg ggctgtggca ctgggctgga catgactaaa gttgacagag gctatgctag2640
atttataatc actagttctg ggacttg
2667

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 544 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

catctgtgca tggatgagtg gccgactttg gagcccaggc tggtacttcc tggctctggtg 60
gtgaatcctc catagtctga gagtaagatc cttgatactg gctcagcatg gaacatctgg120
cacacagtat gcactgagga aatacttggt ggaataatca gtgaatcata gatgaaaact180
taaccttgga attaattatg agactgctca gaggaagaga atgggagaca aaggacctgg240
5  tgattagacc cccaagacac tgggctgtct gcttgtgtct cgggtggaac aggcccagcg300
agagtcttta gggccagaac tcaaggaatt tattgagcca tggcaaacag gcagtaaaca360
gccattctg gctgctgtat tgagaagaga atgtggtgga cagatataga agcatggaaa420
cctgataggg ctattgcaat cactcagaaa agaggcgatg gcagcttgga cctgttgaag480
cagtagagtg ctttccaggg aggagaaagg acctgaaggt taatttgatc accatgggccc540
10 atga 544

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

gtttgatact ttcttgcaact taggtttgtc ctattcttca tttattcaga ctaggataga 60
aaatthttgga atcagaaaat agatccagtg tttagctaca tacaatctag tacaagtga 120
tttttattct taaacatagg tgtgttggt ctttttttaa aagatgcgct ctacctgaa 180
40  aggaaattgg attttagaac tggatgtggt gcagtgaagt attttaggcc caggctgtg 240
tacacatttt atagaagaaa tgaagtactc tgaagtattt tgggtgcctt ttcatttcaa 300
ctgtgttttg aatttgtcag atcacacata tattgtgtta ttgggcgctg tggatatctt 360
tataaaacct cttgcttgtg tgcaaaagtt cctaaaagga aacacaagta atgcctatcc 420
attactagca tgctatgctg catgctttac tgccattgct gtatgcttta ctgtctttgt 480
45  aaaaatcccc ctctcccctt ttctggtaac tggaaaagca tgctaaaaat agtcttatat 540
tttcacccca taagtgcaga atcagtaatt ccttggttta aagctcttat ataataata 600
ttattggtgg taaataccaa gtttgggtat tcatagctat ctttttttaa agaaattaag 660
ttcttgaaaa tttagccaaa tcccgtttta tgggaatgct ctttagaatt cattttgttc 720
agcccctttg ttctatggtt gagaaatctg aggccttacg aagggttaaga gaactttccc 780
50  cgtgtctcac aggtaggtag aggcagagct ggaactagat atctggtctg ttgactctag 840
ctcagtgtct tctggtaact gttgaaaatt gtcttagttt gagagatggc tgaaataatg 900
aacataaaat gctatttata ataacaagta tatgtgaaat ttcttattgt aagactacta 960
ccggcttact gttgaatagt ttggttatag tgtttaggct agaaatgcct cccacattgg1020
taataaacat taaaaaatac aatgtatttt taggtaggca ttttataaaa tgcattatgc1080
55  catggttgct tttgagatag attgtagtct gggtagcatc tttaaaatgt atgtgggctt1140
aactgttggt catatcagga gatgctctga ttgtataggt gagactctgt ttctgttatt1200
tttaattgct gtatgaaatg tgatcagatt attttactac caacagttat agtttgaaag1260

```

tccaactgta ttaattgact gataatatga taatatagag attaaattgt ttgtcttcat1320
tccttaaaaa aaaaaaaaaa 1340

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

30 ggatatgaat aaattgttaa tataaagtcc tacagaaatt aatttatgaa atttctctaa 60
atcacacaaa acttaaatac agatgactac taccctgaga ctgaaaaata tggttctaatt 120
tatagtgcta tttttgggca gttttggtgt cagaatacct atcaacacat tcttttttta 180
ttaggaaaaa aaggatgtct acataacaat ttgtaaagtg ataaaatcca ttagttttta 240
agtcttctga tagcattggc tattataaga aacaagtatt tgctctcgtt tttaacggga 300
taataatgct atgtctacat aaaatgattt ctaccacctt aaatagctca ctgtagaaat 360
35 tcatgtataa atggaaccat atagtacata catatcatac tcttaggtct ggcaaataatt 420
tgaggttcat ccatatttta tattcactca tcagtagttg taaacacatt cttaaagtag 480
cattttcaga tatgaataag cagggatgaa ataagtatta gggtaaggga aatggttgag 540
gctttcctaa gtgaagtgtg aaaaccacag ctttcttttt aatgggatgt ctaatatgca 600
tttatctggt caagcatttt aagatttcca tgaaaatgtc ctgaaaaatc aagattcttc 660
40 attgaggggtg aggatctccc aatgggagac tgctctgaaa agagcatgtg ctttttgaat 720
tagataacct actataatca tggatgttct tgaataacta gcaaacatac cagcatccca 780
aagtcaccaa gataaacctt cctactccaa catcacatga tcttctaatt ctacctgtaa 840
aaataagcat aacaattaat tagaatataa ttacgttata tacattactc cacctagaaa 900
aaaaaatagt tcattatgta gagaaatgct ttttttagta catagagaaa taaaaaatac 960
45 agatactcac tagtgaacaa aaaatgtcca aagccagcca caacagatcc taatgaacca1020
tacaatattg aatgccgggc gcaggagta ttttcaacat ctaaaaatcc taggagctta1080
agggactaga atgaaaaaaa agaacctaga ttgagtaaga aagtatttca ttttggggtg1140
ctttggcaaa aatgacaata caccatttct tttctttagt ttgaggggtt aaactagagt1200
atgtgccacg tgacaaccta aatcagcttg cgttgctctt gtccaccttt ggtatgcagt1260
50 ctgaatcttt aaatccgaaa accttataaa ttggaccgga aaacccttaa gcagtaggggt1320
aacttgagac tgtatcttaa tttgctaata aactgacttg gaaataggat aattcatattt1380
atgagctctt taaatgagtt tatttgggaa tatgcctatc atttgaattg aaagcagcat1440
agcttgcttc agtaactcca ataatttggg aagcagaaat ggaaaaagta atttgagtca1500
tgtttgctta tgtagtgccg tttaaaattc ccctagtaat tacctttcat attttattaal1560
55 ctagggttaac atcaactgtg gttgtaagag taaatgtttc accttaagat aaacatgggc1620
aatatattaa actctagtct gttttcttgc ctgtgaagtg aggctgcact tgattatatt1680
tgattctttg ttcgtaatac atgggaacga cagctaagtg tggtgaaaaa cgcggggatc1740

caaagagctg gattttttatc tcagatctgc cgctaacttt tgtatcctat aggctacttt1800
tatttctatg gtctcaatct ataacatgaa tgggttgggt taaatgactg aagttccttc1860
aagtgcataa attcctttttc tacagtcttc attggattta tgtattttctt attcctaata1920
tgttttaactg ggatgtctgt cactctaggg cggcaagaca gacattttaa agtaacagtc1980
5 acactgctga actggcattt ctgttaacac aaaagtttag aaaactcacg gtaactgtta2040
cttgatttaa gtgtatataa aattttcagt aaggctgctt ttaaaaggaa ccactgtcca2100
tttaaagggt tcatagttat cttcaatggg ttagtattgt ttggggcagg acattaaact2160
agaagggtt ctataggatg aggtgatacc tagaaggtaa tatattgtaa ggcaaaagag2220
attagaagaa atggggggaa aggatagtaa aaggcaagtc agattaaagg gttgaaacat2280
10 gaagatatcc ccattgtatt ccggcccat gtttgccctt tttggctcca gcatcgtgtt2340
tggaagaggc caatgtgccc tgggtcccta ataaag 2376

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:121

cagttgtgaa gttttgtaaa atgggtcacc aacttaaaac taggaaatta cgaagaagag 60
aaaattgccc ggtatctgtt aagggtctgcc tgtagatctg ctgtagggtt tgtcaccatt120
40 ggaagcaagg tcctacttca gtggcagatc ttgtggcctt tgagtggctg aagaccacca180
ccctgcacag ggctggggcc atgcacaggc atccttcctt acctt 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1967 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```

15 acggggcggcg cccgcgctcg caggccactc tctgctgtcg cccgtcccgc gcgctcctcc 60
   gacccgctcc gctccgctcc gctcggcccc ggcgcgcccc tcaacatgat ccgctgcggc 120
   ctggcctgcg agcgtgccg ctggatcctg cccctgctcc tactcagcgc catcgcttc 180
   gacatcatcg cgctggccgg ccgcggctgg ttgcagtcta gcgaccacgg ccagacgtcc 240
   tcgctgtggt ggaaatgctc ccaagagggc ggcggcagcg ggtcctacga ggagggtgt 300
   cagagcctca tggagtacgc gtggggtaga gcagcggctg ccatgctctt ctgtggcttc 360
20 atcatcctgg tgatctgttt catcctctcc ttcttcgccc tctgtggacc ccagatgctt 420
   gtcttcctga gagtgattgg aggtctcctt gccttggtg ctgtgttcca gatcatctcc 480
   ctggtaattt accccgtgaa gtacaccag accttcaccc ttcattgcaa ccgtgctgtc 540
   acttacatct ataactgggc ctacggcttt ggggtggcag ccacgattat cctgatcggc 600
   tgtgccttct tcttctgctg cctccccaac tacgaagatg accttctggg caatgccaa 660
25 cccaggtact tctacacatc tgcctaactt gggaatgaat gtgggagaaa atcgctgctg 720
   ctgagatgga ctccagaaga agaaactgtt tctccaggcg accttgaacc catttttttg 780
   cagtgttcat attattaaac tagtcaaaaa tgctaaaata atttgggaga aaatatTTTT 840
   taagtagtgt tatagtttca tgtttatctt ttattatggt ttgtgaagtt gtgtcttttc 900
   actaattacc tatactatgc caatatTTCC ttatatctat ccataacatt tatactacat 960
30 ttgtaagaga atatgcacgt gaaacttaac actttataag gtaaaaatga ggtttccaag1020
   atttaataat ctgatcaagt tcttggttatt tccaaataga atggactcgg tctgttaagg1080
   gctaaggaga agaggaagat aaggttaaaa gttgttaatg accaaacatt ctaaaagaaa1140
   tgcaaaaaaa aagtttattt tcaagccttc gaactattta aggaaagcaa aatcatttcc1200
   taaatgcata tcatttgtga gaatttctca ttaatatcct gaatcattca ttttagctaa1260
35 ggcttcatgt tgactcgata tgtcatctag gaaagtacta tttcatggtc caaacctgtt1320
   gccatagttg gtaaggcttt cctttaagtg tgaaatattt agatgaaatt ttctctttta1380
   aagttcttta tagggtagg gtgtgggaaa atgctatatt aataaatctg tagtgttttg1440
   tgtttatatg ttcagaacca gagtagactg gattgaaaga tggactgggt ctaatttatc1500
   atgactgata gatctgggta agttgtgtag taaagcatta ggagggtcat tcttgtcaca1560
40 aaagtgccac taaaacagcc tcaggagaat aaatgacttg cttttctaaa tctcagggtt1620
   atctgggctc tatcatatag acaggcttct gatagtttgc aactgtaagc agaaacctac1680
   atatagttaa aatcctggtc tttcttggtg aacagatTTT aaatgtctga tataaaacat1740
   gccacaggag aattcgggga tttgagtttc tctgaatagc atatatatga tgcacggat1800
   aggtcattat gattttttac catttcgact tacataatga aaaccaattc attttaaata1860
45 tcagattatt attttgtaag ttgtggaaaa agctaattgt agttttcatt atgaagtttt1920
   cccaataaac caggtattct aaacttgaaa aaaaaaaaag tcgacgc 1967

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 612 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

15

```
cctagctgtc cccctgagat gaagaaagag ctccctgttg acagctgcct gccccgctca 60
ctcgagcttc accctcagaa gatggatccc aagagacagc acattcagct cctgagcagc120
ctgactgagt gcctgacggg ggacccccctc agtgccagcg tctggaggca gctgtaccct180
aagcacctgt cacagtccag ccttctgctg gagcacttgc tcagctcctg ggagcagatt240
20 cccaagaagg tacagaagtc tttgcaagaa accattcagt ccctcaagct taccaaccag300
gagctgctga ggaagggtag cagtaacaac caggatgtcg tcacctgtga catggcctgc360
aagggcctgt tgcagcaggt tcagggtcct cggctgccct ggacgcggct cctcctgttg420
ctgctgggtct tcgctgtagg cttcctgtgc catgacctec ggtcacacag ctccttccag480
gcctccctta ctggccggtt gcttcgatca tctggcttct tacctgctag ccaacaagcg540
25 tgttccaagt ttactcctac agtctgcaag gttacagggt gggtggggga gaaatgccgt600
tttgggggttc ca 612
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```
tttcggcaca gcatgaatgg ctgcgagaag gacagctcgt ccacagattc tgctaacgaa 60
aaaccagccc ttatccctcg tgagaaaaag atctcgatac ttgaggaacc ttcaaaggca 120
```

cttcgtgggg tcacaggccc aaatattgag aaatcagtga aggatttgca acgctgcacc 180
gtttctctaa ctagatatcg cgtcatgatt aaggaagaag tggatagttc cgtgaagaag 240
atcaaagctg cctttgctga attacacaaac tgcattcattg acaaagaagt ttcattaatg 300
gcagaaatgg ataaagttaa agaagaagcc atggaaatcc tgactgctcg tcagaagaaa 360
5 gcagaagaac taaagagact cactgacctt gccagtcaga tggcagagat gcagctggcc 420
gaactcaggg cagaaattaa gcactttgtc agcgagcgta aatatgacga ggagctcggg 480
aaagctgccc ggttttcctg tgacatcgaa cagctgaagg cccaaatcat gctctgcgga 540
gaaattacac atccaaagaa caactattcc tcaagaactc cctgcagctc cctgctgcct 600
ctgctgaatg cgcacgcagc aacctctggg aaacagagta acttttcccg aaaatcatcc 660
10 actcacaata agccctctga aggcaaagcg gcaaacccca aaatggtgag cagtctcccc 720
agcaccgccc acccctctca ccagaccatg ccggccaaca agcagaatgg atcttctaac 780
caaagacgga gatttaatcc acagtatcat aacaacaggc taaatgggccc tgccaagtcg 840
cagggcagtg ggaatgaagc cgagccactg ggaaagggca acagccgcca cgaacacaga 900
agacagccgc acaacggctt ccggcccaaa aacaaaggcg gtgccaaaaa tcaagaggct 960
15 tccttgggga tgaagacccc cgaggccccg gccatttctg aaaagccccg gcgaaggcag 1020
gcacgctgca ggacacctcg ggagggccag ggcctttcc ggggttagtt ttcggtagg 1080
ggttttcaca gttgcatttt tttgccccca cggaggatta ggaagttttt ccacagatgg 1140
caggcatttt ttttgagtgc cccggttttt gacgttttgg ttg 1183

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 891 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgccgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
45 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgggccg gactccgctc agtttccgggt 120
gcggcgaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggg ttctaggggt gttacgaagc 180
tgcaggagcg agatggaggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag 240
cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca 300
aatgggcttc ccaaactc ctactgggtg gacctctggc ttttcatcct tttcgatgtg 360
50 gtgggtgttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa 420
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac 480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttcct ttcattttac actttgttac 540
taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcacca ttcctagcta agttcttaaa 600
attaaaccct ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg 660
55 aatataaaaag catttgtact taaaggctct gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct 720
tttaatgttt taagagttga tcaggggttt actatggatt gcaagtaata gggatgatta 780
ataaggggaa ggtttttatg gaatttcaaa agtcaattta tttcaaaagc gggggaaagg 840

gttttgagag gaggggggcc caaggtgttc ctgggggttg ccgagggagg c

891

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 482 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

tctctaaata gtaccttttc agtcttgccc cagaagttcc ctcaatttca gcagcaccga 60
gcggtttata attcattcag ttttccaggc caggcagccc gctatccttg gatggccttt120
ccacgcaata gcatcatgca cttgaaccac acagcaaacc ccacctcaaa tagtaatttc180
30 ttggacttga atctcccgcc acagcacaac acaggtctgg gagggatccc tgtagcaggg240
gaagaagagg tgaaggtttc gaccatgcca ctgtcaacct cttcccatte attacaacaa300
ggacagcagc ctacaagtct ccacactact gtggcctgac aacagaactg agaggagagg360
attagactct ggggtgcttg catgggcaac tggatTTTTG catgattcct ttatgatttt420
gcttttaatg tatacaccca gaagagccaa tataaacgtt cctcatgcct aaaaaaaaaa480
35 aa 482

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

ctcgagccgt gggcagtggc cgcgaatgcg cggagacact gaccttcagc gcctcggctc 60
cagcgccatg gcgcccctcca ggaagttctt cgttggggga aactggaaga tgaacgggcg 120
10 gaagcagagt ctgggggagc tcatcggcac tctgaacgcg gccaaagggtgc cggccgacac 180
cgagggtggt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc 240
caagattgct gtggctgcgc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactgggga 300
gatcagccct ggcattgatca aagactgcgg agccacgtgg gtggtcctgg ggcactcaga 360
gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct 420
15 ggcagaggga ctcggagtaa tcgcctgcat tggggagaag cttagatgaa agggaagctg 480
gcatcactga gaaggttggt ttcgagcaga cagaggggtca tcgcagataa cgtgaaggac 540
tgtggcaagg tcgtcctggc ctatgagcct ttttttgggc catttggtgc ctggcaaggc 600
cttcaaacag 610

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2072 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

gggtcatgta ggtacaacag caaccaagaa gatcgatgtc tacctgccct ctgcactcga 60
gccaggacag actgctgcca atgaccgtgg tgacaatggc cagcgccagg gtgcaggacc 120
tgatcgggct catctgctgg cagtatacaa gcgaaggacg ggagccgaag ctcaatgaca 180
atgtcagtgc ctactgcctg catattgctg aggatgatgg ggagggtggac accgatttcc 240
ccccgctgga ttccaatgag cccattcata agtttggtct cagtactttg gcccttggtt 300
50 gaaaagtact catctcctgg tctgacatcc aaagagtcac tctttgttcg aataaatgct 360
gctcatggat tctcccttat tcaggtggac aacacaaagg ttaccatgaa ggaaatctta 420
ctgaaggcag tgaagcgaag aaaaggatcc cagaaagttt caggccctca gtaccgcctg 480
gagaagcaga gcgagcccaa tgtcgccggt gacctggaca gcactttgga gagccagagc 540
gcatgggagt tctgcctggt ccgcgagaac agttcaaggg cagacggggt ttttgaggag 600
55 gattcgcaaa ttgacatagc cacagtacag gatatgctta gcagccacca ttacaagtca 660

ttcaaagtca gcatgatcca cagactgcga ttcacaaccg acgtacagct aggtatctct 720
ggagacaaag tagagataga ccctgttacg aatcagaaag ccagcactaa gttttggatt 780
aagcagaaac ccatctcaat cgattccgac ctgctctgtg cctgtgacct tgctgaagag 840
aaaagcccca gtcacgcaat atttaaactc acgtatctaa gcaatcacga ctataaacac 900
5 ctctactttg aatcggacgc tgctaccgtc aatgaaattg tgctcaaggt taactacatc 960
ctggaatcgc gagctagcac tgcccgggct gactactttg ctcaaaaaca aagaaaactg1020
aacagacgta cgagcttcag cttccagaag gagaagaaat ccgggcagca gtgacactgg1080
cctccagcct caatctgttc cgtagctcag agcctgcctg ccagggccaa gtgccctaga1140
gcccacccgg tgtcctgaag tcctcggggg gagggcagcc cctggctcac tggcacaggg1200
10 caggtgggct ctccggggaag gtgtcggggg ccccttagga gggagcgtg gggacattgc1260
catgggacgg aagtctgctt ggcagtggct ttgataagcg atgcttgggg gtcagaccac1320
cccctagagg agccacgtgc cgcccagcca ccttcaatgc ctgccaccct gcccgaggat1380
gtacagagcc gtgcccacac atttccttgc aacttgatca aatttcttaa agcaaacaac1440
aaaaatgtac atttctgttt ttccttttaa taaacagggt tactctttat catggtttgt1500
15 atgatggacc attctttggg gcggaggatt gattatgtta ctctctttaa aatctgttcc1560
catattgaac aggcagattg gaaaagctat ggttcgattt ctccagaagaa atgttttaggt1620
cttagtcaat agttttaact atgccatttg tttaaatgag tgcatttgct tcgagggtag1680
tgtcttacta aaagttagga acagagacct agtggtgtgt ccaaggccgt gtcactttcc1740
ccttcagcac accccagctt ctgacctcag agcccaggag ctgcgtggac agtgtgggg1800
20 gccaggagga ggggcggtgg ctggtcctca ggcacgctgc actcccagcc agacatgggtc1860
tttccgtttc ttaagtagca agtgtaggtt tcagctggca gttccacctg catgttctct1920
gcttcgctgc cttggaaggg gccacattcc ccattcctct tctccttaca gcgcctgcct1980
cctttttaag caggcggaag gctgctgttt ctccagtttc agggagaggg gtgaccagga2040
gactgtgtcg tgcgtcggtc ctgggtggac ag 2072
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 980 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

50

tttatggagt tagagcaggg gaacttaaaa acaaaagtgt atttaataac ttcattgagac 60
tgtgataacc agtttatatt tgaaatatat acagcacttt gggagactga gggttgacct120
tgatagtcct ttgcacagtg atcttcagat cttaaaagaa aaagaaggca tagaatatat180
tttgcttaac ttctctttta aggataactt tccatttgat cctccatttg ttcgagtgggt240
55 gttacctgtt ctctcaggag ggtatgtatt ggggtggagga gcattatgta tggaacttct300
cacaaaacag ggctggagca gtgcctactc aatagaatcg gtcattcatgc aaataaatgc360
caccttagtc aaaggcaaag ccagagtgcg gtttggagca aataagaatc aatataatct420

agcaagagcc caacaatcct ataattccat tgtacagata catgagaaaa atggctggta480
caccctcca aaggaagatg gctaaatatg ttgactgttg tatgtttgga ctaatgttgc540
tttaaagaaa atctttccaa catgcagaca aaagctttga gtgcccctat tacagcagta600
ccgaagatgt tagttaatag atatttttagt ggataatctg tcatctgaca tccagtataa660
5 gttacagcct tcgcattttg ctcatTTTTag atatcttgga ctgagcagtg gggcctttac720
tgtatttttc ctgataaata cacatactgg ccactcctta tctctttttc ttgaaaagt780
aactttttaa aggcagccaa gtcaacatca gggctactga agttggaggg ctttaggggt840
aactttccta tattgagccc atgggggttac aagggtttgg caatatattg ttccctttta900
cagccaatac aggttttaaat cggatgtttc aatattgggt ttaggggatt ttaaggggccc960
10 tcttaagtca taatagccct 980

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 792 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

ctgtttggca gggcggggcg cctcgcaag atgggtggcg gcgcggcgtg tggctcccgt 60
cgtctggcca agtctcagcg cacgcaaccg gccggcgtct cgttggcctg gagcccacac120
ccaccgggtc cctgaccccg cccccccgc gcccggttcc cggcatgcct cgcgcccgta180
40 agggaaacac gctccggaag ggtggtcagc gccgtggagg aggtgcccgg agcagtgccc240
aagctgactc gggttccagt gacgatgagg cagccagtga ggcccgagc accgccagt300
aatgccccag ccttctcagc accactgcag aggacagcct tgggggggat gtcgtggat360
agcaagggcc agcaggaaga ccttgaggaa aagctgaagg agtatgtgga ctgtctcaca420
gacaagagtg ccaagaccg gcaggtgcct cttgagagcc tgcgcctggc cctagcgtcc480
45 cgcctactcc ccgacttctt gctggagcgc cgcctcacgc tagccgatgc cctggaaaag540
tgcctcaaga aagggaagg cgaggaacaa gccctggctg ctgctgtgct aggcctgctc600
tgcgtgcagc tgggccctgg acctaaagggt gaggagctgt ttcacagcct gcagcctctg660
ctggtctctg tgctcagtga cagcacagct agccctgctg cccggctcca cgtgagttgc720
ctgtgccccca tgaaaccctt cctgcaactt atccctcagc agagtgggtg gttcccccta780
50 tcttcagcct cc 792

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1092 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

20
 gtgggtcccc ccggttccgg cgcggttgag gccttcggtg gtgaacgagt ctccagcacc 60
 atgtctgggt tgtctggccc accagcccgg cgcgccctt ttccgttagc gttgctgctt 120
 ttgttcctgc tcggccccag attggtcctt gccatctcct tccatctgcc cattaactct 180
 cgcaagtgcc tccgtgagga gattcacaag gacctgctag tgactggcgc gtacgagatc 240
 25 tccgaccagt ctgggggccc tggcggcctg cgcagcacct caagatcaca gattctgctg 300
 gccatattct ctactccaaa gaggatgcaa ccaaggggaa atttgccttt accactgaag 360
 attatgacat gtttgaagtg tgttttgaga gcaaggggaa agggcggata cctgaccaac 420
 tcgtgatcct agacatgaag catggagtgg aggcgaaaaa ttacgaagag attgcaaaaag 480
 ttgagaagct caaaccatta gaggtagagc tgcgacgcct agaagacctt tcagaatcta 540
 30 ttgttaatga ttttgcctac atgaagaaga gagaagagga gatgcgtgat accaacgagt 600
 caacaaacac tcgggtccta tacttcagca tcttttcaat gttctgtctc attggactag 660
 ctacctggca ggtcttctac ctgcgacgct tcttcaaggc caagaaattg attgagtaat 720
 gaatgaggca tattctcctc ccaccttgta cctcagccag cagaacatcg ctgggacgtg 780
 cctggcctaa ggcacacctac caacagcacc atcaaggcac gttggagctt tcttgccaga 840
 35 actgatctct tttggtgtgg gaggacatgg ggtaccacct acaccaaca agtcaatgag 900
 ggacttcttt ttaatttggt aggatgttga ctgggttttg aacaataggt ctattattag 960
 agtcacctat gacaaaaaat agggggttac ctagataatg ccaaagtcag catttgtccc 1020
 ggggccctt gtgggagctg tgggacgatg ttttcttttc tgcccccttt ccggagcgtg 1080
 gggggccaaa ta 1092

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1523 Basenpaare
 45 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

10

```
ctcatgtcta aagaaattcc tttttgtgtg aaaaagacta agagcatctt caacagtgcc 60
atgcaagaga tggagggtta cgtggagaac atccgcagaa gtttgggggtt ttttaattact 120
ctccatttag gacaccctac acaccaaca gccagtatca aatgctgctc gatcccacca 180
accccagcgc cggcactgcc aagatagaca agcaggagaa ggtcaagctc aactttgaca 240
15 tgacggcatc cccaagatc ctgatgagca agcctgtgct gagtgggggc acaggccgcc 300
ggatttcctt gtcggatatg ccgcgctccc ccatgagcac aaactcttct gtgcacacgg 360
gctccgacgt ggagcaggat gctgagaaga aggccacgtc gagccacttc agtgcgagcg 420
aggagtccat ggacttccag ggataagagc acagcttcac cagccatcca ccaagacggg 480
acaagcaggg agtttatccg gcagcccaaa gcccttctct cctcaactgt cagctcctat 540
20 cacgacgaaa acggacaaaa cctccaccac cggcagcatc ctgaatctta acctggatcg 600
aagcaaagct gagatggatt tgaaggagct gagcgagtcg gtccagcaac agtccacccc 660
tgttcctctc atctctccca agcgcagatc tcgtagcagg ttccagctga atcttgacaa 720
gaccatagag agttgcaaag cacaattagg cataaatgaa atctcggaag atgtctatac 780
ggccgtagag cacagcgatt cggaggattc tgagaagtca gatagtagcg atagttagta 840
25 tatcagtgat gatgagcaga agtctaagaa cgagccagaa gacacagagg acaaagaagg 900
ttgtcagatg gacaaagagc catctgctgt taaaaaaaaaag cccaagccta caaacccagt 960
ggagattaaa gaggagctga aaagcacgtc accagccagc gagaaggcag accctggagc1020
agtcaaggac aaggccagcc ctgagcctga gaaggacttt tccgaaaagg caaaaccttc1080
acctcacccc ataaaggata aactgaaggg aaaagatgag acggattccc caacagtcca1140
30 tttgggcctg gactctgatt cagagagcga acttgtcata gatttaggag aagaccattc1200
tgggcgggag ggctcgaaaaa ataagaagga acccaaagaa ccatctccca aacaggatgt1260
tgtaggtaaa actccaccat ccacgacggt gggcagccat tctcccccg gaaacaccggt1320
gctcacccgc tcttccgccc aaacttccgc ggctggcgcc acagccacca ccagcacgtc1380
ctccacggtc accgtcacgg ccccggtccc cgccgccaca ggaagcccag tgaaaaagca1440
35 gaggccgctt ttaccgaagg aggactgcc cggccgtgca gcgggtccgt gtggaactca1500
tcaagtaaag tttcaaacgt cct 1523
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2241 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

5
cgccgccc aa gcgccaga ag ccgagctggg aaaagggagg cagaggaggc ggaggcagag 60
gcagaggcag agcccgggtgc cgagaccaag cgacagaccg gcggggctgg gcctcgcaa 120
gccggctcgg cgagctctcc cgacacccga gccggggagg aaaagcagcg actcctcgct 180
cgcatccccg ggagccgcac tccagactgg cccggtagtc aggggctcag gagcagatcc 240
10 cgaggcaggc tttgctcagc ctccgacgag ggctggccct ttggaaggcg ccttcaacag 300
ccggaccaga caggccacca tgaccgagaa ttccacgtcc gccctgcgg ccaagcccaa 360
gcggggccaag gcctccaaga agtccacaga ccaccccaag tattcagaca tgatcgtggc 420
tgccatccag gccgagaaga accgcgctgg ctctcgcgc cagtccattc agaagtatat 480
caagagccac tacaaggtgg gtgagaacgc tgactcgag atcaagttgt ccatcaagcg 540
15 cctggtcacc accggtgtcc tcaagcagac caaaggggtg ggggcctcgg ggtccttccg 600
gctagccaag agcgacgaac ccaagaagtc agtggccttc aagaagacca agaaggaaat 660
caagaaggta gccacgcca agaaggcatc caagcccaag aaggctgcct ccaaagcccc 720
aaccaagaaa ccaaagcca ccccggtcaa gaaggccaag aagaagctgg ctgccacgcc 780
caagaaagcc aaaaaacca agactgtcaa agccaagccg gtcaaggcat ccaagcccaa 840
20 aaaggccaaa ccagtgaac ccaaagcaaa gtccagtgcc aagagggccg gcaagaagaa 900
gtgacaatga agtcttttct tgcggacact cctcctgtc tcctattttc tgtaaataat 960
tttctccttt tttctctctt gatgctcacc accacctttt gcccccttct gttctgactt 1020
tataagagac aggatttggg ttcttcagaa attacagaat aattcatttt tccttaacca 1080
gttggtgcaag gacagcaaca accaatctaa tgatgagaat gtacttatat tttgttttgc 1140
25 tattaaccta cttacggggg tagggatttg cgggggggct tgtgtgtttt gttggcttgt 1200
ttgccatgaa ggtagatgtg ggtggggaga agacacaagg cagtttggtc tggctagatg 1260
agagggaacc caggaattgt gaggttagca ggaatatctt tagggtgagt gagttttcct 1320
tgagttgggc acccgttgtg agagtttcag aacctttggc cagcaggaga gaggtggtag 1380
ggagcagcca gccggcaag gaaggaggtg gaaaaaaacc gccaccgggc tgacttccac 1440
30 ctcccagtg tgcagcagtg gggcccaaac ccagtttctt tctcattttt gttagtttgc 1500
cctttcggcc tccctatttt cttaggggag gggagtgggg tccaagtgc agctggatgg 1560
gagaagccat agtttctccc agtcagctag gatgtagcca ttgggggatc tttgtggctt 1620
cagcaaattc tcttggttaa ccggagtga aacttcaggg gaagggtggg gaggcagcca 1680
agtgcctcag tgtgccctgt tgaaacttag gtttttccac gcaatcgatg gattgtgtcc 1740
35 taggaagact tttcttttcc tctggatttt tgttcctcct gtacaagagg tgtctttgct 1800
tggtttggtg gggctgcggc cacttaaaac ctcccgatct ctttttgagt cctttattat 1860
aagtagttgt agctgcggga gggggagggg gaggggcg gcagtgata gtaagactta 1920
ctgcagtcga tttgggattt gctaagtagt ttacagagc tagatctgtg tgcagtggtg 1980
tgtttgtgta tatatacata tctagggcta gtacttagtt tcacacccgg gagctgggag 2040
40 aaaaaacctg tacagttgtc tttctcttat ttttaataaa atagaaaaat cgcgcacttg 2100
cgcgctcccc cccaccccc ttttttaaac aagtgttact tgtgccggga aaattttgct 2160
gtctttgtaa ttttaaaact ttaaaataaa ttggaaaagg gagaaactga aaaaaaaaaa 2220
aaaaaaaaaa a 2241

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 631 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

tgacaatggc ttctttaaaa tactcagagg acaggatcac ggtggaatcg aatcagaagt 60
ggtggctgga attccacgca cccatcagta ctgggaaaag atctaactct cccgtgggcct120
gtcgtgccag tcctgggggc gagatgggg tagaaatgca tgtgatgcgt taagttcacg180
15 taagatacaa gtttcagaca gggtcggaag gactggattg gccaaacatc agacctgtct240
tccaaggaga ccaagtcctg gctacatccc agcctgtggt tacagtgcag acaggccatg300
tgagccaccg ctgccagcac agagcgtcct tccccctccg tgatccatcc atctccagg360
agcaagacag agacgcagga atggaaagcg gaggctcctaa caggatgaaa gttcccccat420
cagttcccc agtacctcca agcaagtagc ttccacatt tgtcacagaa atcagaggag480
20 agatggtgtt gggagccctt tggagaacgc cagtctcca ggccccctgc atctatcgag540
tttgcaatgt caaacctctc tgatcttgtg tcagatgatt cttaatagga gtttatTTTT600
cgggcagctg cgaatcaggg gggttaaccag g 631

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

50 ggggccggga gggtagcttag ggccggggct ggcccaggct acggcggctg cagggtctccg 60
gcaaccgctc cggcaacgcc aaccgctccg ctgcgcgcag gctgggctgc aggctctcgg120
ctgcagcgtc gggtagatct aggatccggc ttccaacatg tggcagctct gggcctccct180
ctgctgcctg ctggtgttg ccaatgcccg gagcaggccc tctttccatc ccctgtcgg240
tgagctggtc aactatgtca acaaacggaa taccacgtgg caggccgggc acaacttcta300
caacgtggac atgagctact tgaagaggct atgtggtacc ttcctgggtg ggccaagcc360


```

accccagaga gttatgttta ccgaggacct gaagctgcct gcaagcttcg atgcacggga420
acaatggcca cagtgtccca ccatcaaaga gatcagagac cagggtcctt gtggctcctg480
ctgggccttc ggggctgtgg aagccatctc tgaccggatc tgcattccaca ccaatgcgca540
cgtcagcgtg gaggtgtcgg cggaggacct gctcacctgc tgtggcagca tgtgtgggga600
5 cggtgttaat ggtggctatc ctgctgaagc ttggaacttc tggacaagaa aaggcctggt660
ttctggtggc ctctatgaat ccatgtagg gtgcagaccg tactccatcc ctccctgtga720
gcaccacgtc aacggctccc ggcccccatg cacgggggag ggagataccc ccaagtgtag780
caagatctgt gagcctgggt acagcccagc ctacaaacag gacaagcact acggatacaa840
ttctacagcg tctccaatag cgagaaggac atcatggccg agatctacaa aaacggcccc900
10 gtggaggagg gttctctgtg tattcggact tctgcctaga gtcagggggt acaaaagtcc960
cggaatttg gggggccgcc                                     980

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

cacatgttcg gggaccgagt ggggtcaatc ttctggtgct gcctctccag gtctcttcca 60
ggccggtcat agacgtactc cctctgaggc cgaccgatgg ttagaagagg tgtctaagag 120
40 cgtccgggct cagcagcccc aggcctcagc tgctcctctg cagccagttc tccagcctcc 180
tccacccaact gccatctccc agccagcatc acctttccaa gggaatgcat tcctcacctc 240
tcagcctgtg ccagtgggtg tgggtcccagc cctgcaacca gcctttgtcc ctgcccagtc 300
ctatcctgtg gccaatggaa tgccctatcc agcccctaag gtgcctgtgg tgggcatcac 360
tccctcccag atggtggcca acgtatattg cactgcaggc caccctcagg ctgcccattc 420
45 ccatcagtca ccagcctgg tcaggcagca gacattccct cactacgagg caagcagtgc 480
taccaccagt cccttcttta agcctcctgc tcagcacctc aacggttctg cagctttcaa 540
tggtgtagat gatggcagggt tggcctcagc agacaggcat acagaggttc ctacaggcac 600
ctgcccagtg gatccttttg aagcccagtg ggctgcatta gaaaataagt ccaagcagcg 660
tactaatccc tcccctacca accctttctc cagtgactta cagaagacgt ttgaaattga 720
50 actttaagca atcattatgg ctatgtatct tgtccatacc agacagggag cagggggtag 780
cggtcaaagg agcaaaacag actttgtctc ctgattagta ctcttttcac taatcccaa 840
gggtcccaagg aacaagtcca ggcccagagt actgtgaggg gtgattttga aagacatggg 900
aaaaagcatt cctagagaaa agctgccttg caattagggt aaagaagtca aggaaatgtt 960
gctttctgta ctccctcttc ccttaccctc ttacaaatct ctggcaacag agaggcaaag 1020
55 tatctgaaca agaattata ttccaagcac atttactgaa atgtaaaaca caacaggaag 1080
caaagcaatc tccctttgtt ttccaggcca ttcacctgcc tcctgtcagt agtggcctgt 1140
attagagatc aagaagagtg gtttgtgctc aggctgggga acagagaggc acgctatgct 1200

```

gccagaattc ccaggagggc atatcagcaa ctgcccagca gagctatatt ttgggggagag1260
agttgagctt ccatttttgag taacagaata aatattatat atatcaaaag ccaaaatctt1320
tatttttatg catttagaat attttaaata gttctcagat attaagaagt tgtatgagtt1380
gtaagtaatc ttgccaaagg taaaggggct agttgtaaga aattgtacat aagattgatt1440
5 tatcattgat gcctactgaa ataaaaagag gaaaggctgg aagctgcaga caggatccct1500
agcttgtttt ctgtcagtca ttcattgtaa gtagcacatt gcaacaacaa tcatgcttat1560
gaccaatata gtcactaggt tgtagttttt tttaaataaa ggaaaagcag tattgtcctg1620
gttttaaacc tatgatggaa ttctaattgtc attattttta tggaatcaat cgaaatatgc1680
tctatagaga atatatcttt tatatattgc tgcagtttcc ttatgttaat cctttaacac1740
10 taaggtaaca tgacataatc ataccataga agggaacaca ggttaccata ttggtttgta1800
atatgggtct tgggtgggttt tgttttatcc tttaaatttt gttcccatga gttttgtggg1860
gatggggatt ctggttttat tagctttgtg tgtgtcctct tcccccaaac ccccttttggt1920
tgagaacatc cccttgacag ttgcagcctc ttgacctcgg ataacaataa gagagctcat1980
ctcattttta cttttgaacg ttggccttac aatcaaatgt aagttatata tatttgtact2040
15 gatgaaaatt tataatctgc tttaacaaaa ataaatgttc atggtagaaa aatttgccca2100
tgaagggctg ttctttcccc ttctctttat tagtaaatga atttattttt cgttcttttg2160
gtcttactct ccattctact gctgctgtaa atccctagtt tagtgactag aaaaataccc2220
ttaagattca tattttca 2238

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 398 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

45 tgcagattgg ttggggcagc ccggggaggc tggctccgac acacgactga gtgtgcctac 60
actgggtcca caggttttca gctgtggagt ttgggatctg agcttggagc ccatttgttt120
ctggcagttc cgctcatatt ttccacttga agacatcgcc tccgttcctt ccaagctggg180
agaccagaag tcaacaacag gaggttgag aggccgggtc tcacaatccg cttggctggg240
gagtcactg aggttcttgc atcctgaagc aaaccatgga gagctgggtg ggacttccct300
50 gttttgcgtt cctgtgtttt ctaatgcacg cccgaggtca aagagacttt gattttggca360
gatgcccttg atgacctga aaccaccaa gaagccaa 398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1084 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

20
ggcgggtggcg gaagtgggag cgggcctgga gtcttggcca taaagcctga ggcggcggca 60
cggcggagtt ggcggcttgg agagctcggg agagtccctt ggaaccagaa cttggacctt 120
ctcgcttctg tcctccgttt agtctcctcc tcggcgggag cctcgcgacg gcccgggccc 180
gagccccag cgcaggcccc cgtttgaagg atgacctta ggaagaaagt gttgctgaag 240
25 gttatcatcc tgggagattc tggagtcggg aagacatcac tcatgaacca gtatgtgaat 300
aagaaattca gcaatcagta caaagccaca ataggagctg actttctgac caaggaggtg 360
atggtggatg acaggctagt cacaatgcag atatgggaca cagcaggaca ggaacgggtc 420
cagtctctcg gtgtggcctt ctacagaggt gcagactgct gcgttctggt atttgatgtg 480
actgccccca acacattcaa aaccctagat agctggagag atgagtttct catccaggcc 540
30 agtccccgag atcctgaaaa ctcccatatt gttgtgttgg gaaacaagat tgacctcgaa 600
aacagacaag tggccacaaa gcgggcacag gcctggtgct acagcaaaaa caacattccc 660
tactttgaga ccagtgccaa ggaggccatc aacgtggagc aggcgttcca gacgattgca 720
cggaatgcac ttaagcagga aacggaggtg gagctgtaca acgaatttcc tgaacctatc 780
aaactggaca agaatgaccg ggccaaggcc tcggcagaaa gctgcagttg ctgagggggc 840
35 agtgagagtt gagcacagag tccttcacaa accaagaaca cacgtaggcc ttcaacacaa 900
ttccccctct ctcttccaaa caaaacatac attgatctct cacatccagc tgccaaaaga 960
aaaccccatc aaacacagtt acacccacac tattctctca cacacacaca cacacggcac 1020
acacacacac acaggtttgg acgttattca gattgcggcc tttgccgtgt tgggttcgtg 1080
gggg 1084

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare
45 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

10

```
taaaatacag aagaagagtc cacacactgt ttcacgagaa ggagtgtatc atgatttgta 60
gtaatcgaag aacatgttta tgggaacagg gtgactcagc tctcctgggg aggatggatg 120
aggagttagc aggaagagag ggtaccaagt gaggggaaag cagcagggtg ggtctggggc 180
atggacagga agcagaggct gggaaaagct acatctttta ttcagctttt ttcacaggag 240
15 ctgaagtggg aatcagtaca tcgagaatcc acggccgggg accagtagga cttgagggac 300
tgcttactac taagtggctg ctgcgaggga aggaccacgt ggtctcagat ttctcagagc 360
atggaagttt aaaatatctt catgagaacc tccctattcc tcagagaaac accaactgaa 420
aagagccagg aaaacccggg aattttccaa aaggtcttca cgttaaactt gtcttatctc 480
aggagagagc ccgctcttgt ctcccagttc ctggtagggt ctgcctgttg gaaagtgtac 540
20 ctggatgctt ctgggctccg tttggcaata gcaatcttgg ctgatgtgca cagtctggct 600
cccagctcac cctttttttt taaaagtaag aaaatagttg ctaccgatag ggactttgcc 660
aagtccaatt atcttctagg attgaaaggt gcattttccc cataaaaaag gcgaggaaaa 720
cccatggctg ctttgtgtca cctcagtgac ttacagtccc ccttggcatt tagttggtac 780
tagagccagt catccttaac aaatcttttc acattttatt tctttcacat gtagtcatct 840
25 tcaaaaagga aagatttgga attttagaaa aggggcaact cttcttttta gcattctcat 900
cagaaagtca caaaaatcga tggaatcatt tccactggga agattgacct tttgtattta 960
tttgtggggt aaattaataa gcattccaga tgcttgacgc ttccctgcac caggagatgc1020
tgtgttcccc gtgatgcagc tggaacccaa gctgcagcag gagatgcaag tttcaggatg1080
ttccccactg agctggagga atatctacag cagtgatgct tgaaattttt gtatgaattal140
30 ttttgtcgtc ctaccctttt cctccaaaac aaaaattaga ggattatttt aatactttgg1200
attcttcccc cttttttgag aaataaagtt ttttatgaaa agccaaaaaa aaaaaaaaaa 1259
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1938 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

ccaagatggc ggcacgatgc ctgcccggct gttgggggtgg cggtgacgac aggcagcaaa 60
agaccagctg gtcccagatt cgctgctgga gtgctggatg gagcctttct ctgccctctg 120
tgacatttcc aatttttagat aatgcctcac atctctgtcc ccccgggacc ccctggagcc 180
5 cccatgatcc ctaagaagac agcttgaacc tagatctcac cccaggatg ttgcggaggc 240
tgctggagcg gccttgcacg ctggccctgc ttgtgggctc ccagctggct gtcatgatgt 300
acctgtcact ggggggcttc cgaagtctca gtgccctatt tggccgagat cagggaccga 360
catttgacta ttctcaccct cgtgatgtct acagtaacct cagtcacctg cctggggccc 420
caggggggtcc tccagctcct caaggtctgc cctactgtcc agaacgatct cctctcttag 480
10 tgggtcctgt gtcggtgtcc tttagcccag tgccatcact ggcagagatt gtggagcgga 540
atccccgggt agaaccaggg ggccggtacc gccctgcagg ttgtgagccc cgctcccgaa 600
cagccatcat tgtgcctcat cgtgcccggt agcaccacct gcgcctgctg ctctaccacc 660
tgaccccctt cttgcagcgc cagcagcttg cttatggcat ctatgtcatc caccaggctg 720
gaaatggaac atttaacagg gcaaaactgt tgaacgttgg ggtgcgagag gccctgcgtg 780
15 atgaagagtg ggactgcctg ttcttgcacg atgtggacct cttgccagaa aatgaccaca 840
atctgtatgt gtgtgacccc cggggacccc gccatgttgc cgttgctatg aacaagtttg 900
gatacagcct cccgtacccc cagtacttcg gaggagtctc agcacttact cctgaccagt 960
acctgaagat gaatggcttc cccaatgaat actggggctg ggggtggtgag gatgacgaca1020
ttgctaccag ggtgcgcctg gctgggatga agatctctcg gccccccaca tctgtaggac1080
20 actataagat ggtgaagcac cgaggagata agggcaatga ggaaaatccc cacagatttg1140
acctcctggt ccgtacccag aattcctgga cgcaagatgg gatgaactca ctgacatacc1200
agttgctggc tcgagagctg gggcctcttt ataccaacat cacagcagac attgggactg1260
accctcgggg tcctcgggct ccttctgggc cactgttacc acctgggttc tcccaagcct1320
tcgctcaaga gatgctgcaa cgccggcccc cagccaggcc tgggcctcta tctactgcca1380
25 accacacagc cctccgaggt tcacactgac tcctccttcc tgtctacctt aatcatgaaa1440
ccgaattcat ggggttgtat tctccccacc ctgagctcct cactgttctc agagggatgt1500
gagggaaactg aactctggtg ccgtgctagg gggtaggggc ctctccctca ctgctggact1560
ggagctgggc tcctgtagac ctgaggggtc cctctctcta gggctcctg tagggcttat1620
gactgtgaat ccttgatgtc atgattttat gtgacgattc ctaggagtcc ctgcccctag1680
30 agtaggagca gggctggacc ccaagcccct ccctcttcca tggagagaag agtgatctgg1740
cttctcctcg gacctctgtg aatattttatt ctatttatgg ttcccgggaa gttgtttggt1800
gaaggaagcc cctccctggg cattttctgc ctatgctgga atagctccct cttctggtcc1860
tggctcaggg ggctgggatt ttgatatatt ttctaataaa ggactttgtc tcgcaaaaaa1920
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1938
35

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

5 caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcatt cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgtagg ggcagtggag gtagaatgac 180
tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaacia tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcatttactg tgtcttttgg ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
acccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
10 aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
tttgcaattct cctccttcc cttccttgta gccttttgac ttctattgga aattaggatg 480
taaactctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
gtaactctgag aaacaatgac taattcttgc atatttttga acttccatgt gagggttttc 600
agcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgagggt gtatcttcac gtagaacatt 660
15 ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataatatt gggtccattc 840
tcacctatcc acacaacata tccgtatata tccccctac tcttacttcc cccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccat tctctcctca cacacagact 960
20 catattactg gtaggaactt gagaacttta ttccaagtt gttcaaacat ttaccaatca 1020
tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaacc 1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg 1140
gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc 1260
25 tctagaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatttt 1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt taccctattt 1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
agtctgggag tggggaagtg atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
tgagggaaaa gggagggaaa aggaagtatt gggaatacct gtggtggttg tgatccctag 1560
30 gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggatttc ccatccctg tgggaaatta 1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaaagc 1680
aaaccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaagtttt tcccttcattc 1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
35 tcaaaaaaaa aaat 1874

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

40 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

55 RDIWTMNLQR YWGEIPISSS QTNRSSFDLL PREFRLVEVH DPPLHQPSAN KPKPPTMLDI 60
PSEPCSLTIH TIQLIQHNRR LRNLIATAQA QNQQQTEGVK TEESEPLPSC PGSPPLPDDL 120
LPLDCKNPNA PFQIRHSDPE SDFYRGKGEP VTELSWHSR QLLYQSGTN PGQRRAFDCA 180
NESVLEDPNL MLAHEYWP 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

IVWMVRLHGS EGMSSIVGGF GLLAEGWCRG GSWTSTRNS RGSKSKELLL VWLDDIGISP60
QYLCRFIVHM SLQVQQTFIK CQAFCVGQRL IM 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

DPCPERSTKN RHGAQGMPSK LQGFPRSRSA GAGANHRVLR SPDVQGSRKT GRSGPEPRQG60
GTTLFTAASQ SGLGGCLDLE RPEARIASDP ESWFVD 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

EGRVQQGSFV NVQQGPQEPF IEFHQLTQA IKSTHGTSTI PRVSRITLKD KP

52

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

PSRTSHSGTL PIPRLKICFK KRGNMNKDPT TLLAQVLFTL NFLNLDN

47

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

LSKFKKLRVN NTCASSVVGSLFIFPLFLKH IFKRGMGVNP LWLVLEGYTR YPWNGRCSMC60
ALNCLG

66

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

REGEGRPEGN GDIRGGLRSG CDLSLLAPLL PPSSSESWEC CYPWKIKLGL QELSVWEESM 60
AQHSACVPFC SGSLSPPPSQ PQRSPSPSS SPEDSSDGRA GPPEPTGSSG CTGSWCSLSP120
VHFSHWGMEC PCILCCRSPH LHLRGLGSPS SPQCPQSLSQ TVGWNMRLEA ERGSEHHSPC180
20 TWVASCP 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149

25

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149

REDWNRGKGE VAPCFVQPGS WQPCWGLDP TTPAHLAEHL VPIEDCLPLL LHLQLPPLL 60
TFHTLQDCVC SGSPEGCSSC CHRASILILL LIVQLLSVCI RLSDQRVHQH QEGHVEQQGT120
45 HHGQVDDNDD LDGGGLRSSY LSHSRQ 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150

10 FFFFWREIK QFNDGF LDLH TTLRQEDKIF SPCTGTTKER DKRQPKYRGC GVQIHAQPRV 60
SCSNRPSGSV TVDTGERRDC PDPSSAGEGT GSRVCMGTPC PSARSAQGTA NTSFQCTLKT120
QWAQGAQLSH QSCPQGWSWG WG 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151

(A) LÄNGE: 464 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151

30 RQQTVLGSCS SSILPCQLLK HQGSSKTEMT KNWLIQTKRR YFSSPKQMSM THWPRTAWLT 60
GCSVTLFLFP SQYVDVASLG LVPQLTGGTL YKYNFQMH L DRQQFLNDLR NDIEKKIGFD120
AIMRVRTSTG FRATDFFGGI LMNNTTDVEM AAIDCDKAVT VEFKHDDKLS EDSGALIQCA180
35 VLYTTISGQR RLRIHNLGLN CSSQLADLYK SCETDALINF FAKSAFKAVL HQPLKVIREI240
LVNQTAHMLA CYRKNCASPS AASQLILPDS MKVLPVYMNC LLKNCVLLSR PEISTDERAY300
QRQLVMTMGV ADSQLFFYPQ LLPIHTLDVK STMLPAAVRC SESRLSEEGI FLLANGLHMF360
LWLGVSPPPE LIQGIFNVPS FAHINTDRTL LPEVGNPYSQ QLRMIMGIIQ QKRPYSMKLT420
40 IVKQREQPEM VFRQFLVEDK GLYGGSSYVD FLCCVHKEIC QLLN 464

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152

5 TMLEKIPKEE QEETSAIRVG FITYNKVLHF FNVKSNLAQP QMMGVTDVGE VEVPLLDGFL 60
VNYQESQSVI HNLLDQIPDM FADSNENETV FAPVIQAGME ALKAADCPGK LFIFHSSLPT120
AEAPGKLKNR DDKKLVNTDK EKILFQPQTN VYDSLAKDCV AHRLLCDTLP LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153

10

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153

GSTVFTEFVI VLELHGHCLV TIDGSHFYIG GVVHQDSTKE ISGSETCAGT NPHNSIKAYF 60
LFNIISEVVQ KLLSIQVHLE IVVFVKGSSS ELRNQPQRGH VHILTRKEEE CHRAAGEPRS120
PWPMShRHLF GAGKVSSLCL Y 141

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 504 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

50 LDRCGLYPVS SLLQVEGSLW RAAGVFQPPP GLAHANDWRF TARVHGGALG EHDKMVAAAT 60
GSEILLWALQ AEGGGSEIGV FHLGVPVEAL FFVGNQLIAT SHTGRIGVWN AVTKHWQVQE120
VQPITSYDAA GSFLLLGCNN GSIYYVDVQK FPLRMKDNDL LVSELYRDPA EDGVTALSVY180
LTPKTSDSGN WIEIAYGTSS GGVRVIVQHP ETVGSGPQLF QTFTVHRSPV TKIMLSEKHL240
ISVCADNNHV RTWSVTRFRG MISTQPGSTP LASFKILALE SADGHGGCSA GNDIGPYGER300
DDQQVFIQKV VPSASQLFVR LSSTGQRVCS VRSVDGSPTT AFTVLECEGS RRLGSRPRRY360

LLTGQANGSL AMWDLTTAMD GLGQAPAGGL TEQELMEQLE HCELAPPAPS APSWGCLPSP420
SPRISLTS LH SASSNTSLSG HRGSPSPQA EARRRGGGSF VERCQELVRS GPD LRRPPTP480
APWPSSGLGT PLTPPKMKLN ETSF 504

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

25 GQPARPGAMA AAATAAEGVP SRGPPGEVIH LNVGGKRFST SRQTLTWIPD SFFSSLLSGR 60
ISTLKDETGA IFIDRDPTVF APILNFLRTK ELDPRGVHGS SLLHEAQFYG LTPLVRRRLQL120
REELDRSSCG NVLFNGYLPP PVFPVKRRNR HSLVGPQQLG GRPAPVRRSN TMPPNLGNAG180
LLGRMLDEKT PPSPSGQPEE PGMVRLVCGH HNWIAYAYTQ FLVCYRLKEA SGGQLVFSSP240
RLDWPMRTTG ASQPGCMVGL WVMTRWWQQ PPAARSCYGL CRRKAVAPR 289

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

50 VPQDQGI PRH HGSCVVQKEV SLSFILGGVR GVPRPLEGHG AGVGRRRRSG PLRTSSWQRS 60
TKLPPPRRRA SACGGLGLPR WPDKEVLLEA EWRLVREMRG EGLGRQPHEG AEGAGGASSQ120
CSSCSISSCS VRPPAGAWPR PSMVVVRSHM AKLPLAWPVS R 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

15

```
QLWGFAAGSD SRPAMGCDGG TIPKRHELVK GPKKVEKVDK DAELVAQWNY CTLSQEILRR 60
PIVACELGRL YNKDAVIEFL LDKSAEKALG KAASHIKSIK NVTELKLSDN PAWEGDKGNT120
KGDKHDDLQR ARFICPVVGL EMNGRHRFCF LRCCGCVFSE RALKEIKA EV CHTCGAAFQE180
DDVIVLNGTK EDVDVLKTRM EERRLRANWK RKQRNPRQQS LFQNM SVKK PQGHQKLRQG240
20 SLKKPALILE RRKPTWLPKA QQ 262
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

40

```
CHRAQWHQGG CGRAEDKDGG EKAESELEKK TKKPKAAESV SKPDVSEEAP GPSKVKTGKP 60
EEASLDSREK KTNLAPKSTA MNESSSGKAG KPPCGATKRS IADSEESEAY KSLFTTHSSA120
KRSKEESAHW VTHTSYCF 138
```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

10 HLVLKQTLKP WVSLEFSPR SQPSLLHPCL QHVHILLGAI EHDDIILLEG SPTRVANFRF 60
YLFQGSRLKH TAAAPKEAEP VSAVHLQAHN GADETRPLEV IVLVTFVSFS IPFPGRIIRK120
LQLCHILNAF NVRCCLPKSL FCRFVQEKFN DGIFVIKSAK FTGNYWSS 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

15 (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

30 HQWHITAMGS QHSAAARPSS CRRKQEDDRD GLLAEREQEE AIAQFPYVEF TGRDSITCLT 60
CQGTGYIPTE QVNELVALIP HSDQRLRPQR TKQYVLLSIL LCLLASGLVV FFLFPHSVLV120
DDGKIKVVKV TFNKQDSLVI LTIMATLKIR NSNFYTVAVT SLSSQIQYMN TVVNFTGKAE180
MGGPFSYVYF FCTVPEILVH NIVIFMRTSV KISYIGLMTQ SSLETHHYVD CGGNSTAI 238
35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

40 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

SSHEDHYVVH QDLRYRAEEV HIGKRSSH LG LPGKIHHC VH VLNLAGQAGH CHRVEVGVPD60
FQGGHDGENY KGVLLIKCDF HHFDAVIIHK D 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

5

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

MRKQEENHQT RCQETKQDGO EDILLSSLRA QSLITVWDQS HQLIYLLCWN VACPLARETG 60
DAISPGEFHI WELSNQFFLL SFSQQTVPI FLLSPAGGGA SSSGMLRPHG RDMPLVSCPA120
SSVGGAARTQ RAG 133

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

30

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

45

AAGAAGPHRR RHPLHPSLLR EHHSQAQAPE GVRPGQSTLS RIEAVQPQLP RPSGLPSLWG60
WLPWLLGTRP QRHPEIPPET QCASTAVRRS A 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

50

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

LDNPTQRNKD QLIRAAVKFL DTDTCYRVE EPETLVELQR NEWDPPIEWA EKRYGVEISS 60
STSIMGPSIP AKTREVLVSH LASYNTWALQ GIEFVAAQLK SMVLTGLID LRLTVEQAVL120
LSRLEEEYQI QKWGNIEWAH DYELQELRAR TAAGTLFIHL CSESTTVKHK LLKE 174

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

CLGLLHPVAD GVG VQKLHGC PDQLILVSLG WVVQSRVAQC GQVHGVVLDG ILLGIPLSTL60
CTCQGL 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SWRETEIKEQ LTEHLCTIIQ QNELRKAKKL EELMQQLDVE ADEETLELEV EVERLLHEQE 60
VESRRPVVRL ERPFQPAEES VTLEFAKENR KCQEQAVSPK VDDQCGNSSS IPFLSPNCPN120
QEGNDISAAL AT 132

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

10

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

25

QILMSHSPPQ AEMASLNEPL VSLILLVLRV AISRPPPQAP KSLHRLHLV VASTPPTSWP60
FGAHFAV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

30

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

45

NGLSKRTTGL LDSTSCSCSN LSTSTSSSKV SSSASTSSCC INSSNFLAFR SSFCCMIVQR60
CSVSCSFISV SRHE 74

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

15 GRGGLGCRSW RCAGSSRPYS EVFSVALLER GSSCILRIFC ISAPFSSRCH RMPQIGPVPS60
VNQTSETASL QGQSPSTDEL ERDSEMQRP 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

20 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

35 GPLHFRIPLK LICTWTTLTK RGGFRSLIHR GDRTYLGHPM AARREGSRNA KYSQDAGGTP60
LKERHGENFR VRAR 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

AVAFQNPSQA HLYLSDPEA RRFPKSDSPR GQDLFGASDG SEKRREPKCK IFSRCRRNPS60
QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP 89

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

PSPAVLGDQP PSASGAVHRK LSLEVCCCQE RAQMGPVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60
25 MLSSAAVWLG SRRLTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 495 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

45 SRTNTPVETW KGSKGKQSYT YIIIENTTTS FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINVT 60
NVMNGVASYC RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC120
VPCGPGTKNN KIHSLCYND C TFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSF TSKGLKYFHH180
FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGYKAGVSSQ240
PVSLADRLIG VTDMTLDGI TSPAELFHLE SLGIPDVIFF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV300
50 RCSPQKTVPG SLLLPGTCS D GTCDGCNFHF LWESAAACPL CSVADYHAIV SSCVAGIQKT360
TYVWREPKLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE420
YKYSKLVMNA TLKDCDLPAA DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGF480
SVPLKTSSGG PDMDL 495

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

GHNEEISSSG CCRMLAPKSP QACKGAMQGE EAGEAGSASH RSMSGPPEDV FSGTESNPSG 60
VLLEVNDLIF PKSDFLLVKM RSSSTSSPSM MAQLSAAGRS QSLRVAFITS LEYLYSSF 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

RNTRGHFRAC QRKLKPCSVS TVYKFNRNAC QRGLFEKRVF SEPVLSVQEK GVLLKRKLSL 60
LEQDVIVNED GRNKLKKQGE TPNEVCMFSL AYGDIPPELI DVSDFECSLC MRLFFEPVTT120
PCGHSFCKNC LERCLDHAPY CPLCKESLKE YLADRRYCVT QLLEGINSEV SA 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 248 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

10 QIGGTVSHSC WKELIVKYLP DELSERKKIY DEETAELSHL TKNVPIFVCT MAYPTVPCPL 60
HVFEPYRLM IRRSIQTGTK QFGMCVSDTQ NSFADYGCML QIRNVHFLPD GRSVVDTVGG120
KRFRVLKRGK KDGICTADIE YLEDVKVENE DEIKNLRELH DLVYSQACSW FQNLDRFRS180
QILQHFGSMP ERRENQAAP NGPAWCWLL AVLPVDPYQ LSVLSMKSLK ERLTKIQHIL240
TYFSRDQF 248

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

35 HSTSYLLDTL LSFLCKEDNM VHDLNNAQDN SYRTNVRKGL LLAQKTTSCR ENTRNLRHRL 60
ILLEYHHKLR KTYRLHWEFL LVFSAYFFHL HLQSHPLKE TTFFSAEHLF LELTEQVLRA120
LFFQTVLSGR HFC 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSPEL EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFPCGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120
MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSGV QT 152

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- 10 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

25 EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQGKPM QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- 30 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

45 GLATAWASCA LWWTSEARTG IWAKPEDLTV NSLGGSSQSS GLHPRPNIRG RGTLLGGSPEP 60
LALILARVGQ PHVLPSLHLL HTVLVHFPLG EDEEEDTTRE ADGPGQSHSF HGVLAPLSGN120
VFQLRG 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

LVKCPKGEFS FHSNKDRFAH SLKQNVAMNI QPLHTYKDVR MIPPTKHTHS HTRTHMHT60
RACTHGHMHT HTHT 74

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

35

ILISFKQRQI CAFTQAECGH EYSAPAYIQR CTHDSPHQAH TQSHTHTH AHTRVHTRTH60
AHTHAHVNTC THAHTCTHAH TDTL 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

VCPCVHVCTC VHVCMCLRV R VCVHVSVCAR ACVHVCVCAC VTVCVLGGGN HAYIFVCMQG60
LNIHGHI LLE 70

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- 10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

25 TVKFLRRLKV RGTKAGEISL SPEEGEADGS QQPALFLRVI FKFANCITGG PTECFYQEFF60
FCSKTLVMGI F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 30 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

45 YLNLQIVLQE GLLSVFIKSF SFVQRHWLWE YFERVRNAGI KRCCRLILKV LTEPV 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 50 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

KQGRLLTSIC FSLLRKANL PCFGSPHFQP SQEFHCS

37

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

SPLLWFPALS AFSGISLFII YFHDLSAKLL IFCRKKV

37

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

MPDFKIARRK QTLRIKKAGH LLNPWLHHKA LGLGFLYLIE VFSVALGAVC LSPTPKDARK 60

TSTISHVATF TSMPHKCLSE SPNSAFPQNK PNAIRQKKKK

100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

5

- (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

RSQAGPEAGQ PLPGSGKRSS CCHCSSGACS MGPLPRTVEL FYDVLSPYSW LGFEILCRYQ 60
NIWNINLQLR-PSLITGIMKD SGNKPPGLLP RKGLYMANDL KLLRHHLQIP IHFPKDFLSV120
MLEKGSLSAM RFLTAVNLEH PEMLEKASRE LWMRVWSRNE DITEPQSILA AA EKAGMSAE180
25 QAQGLLEKIA TPKVKNQLKE TTEAACRYGA FGLPITVAHV DGQTHMLFGS DRMELLAHLL240
GEKWMGPIPP AVNARL 256

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

30

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

SLAFTAGGIG PIHFSPSRCA SSSIRSEPNN MWVWPSTWAT VMGSPKAPYL QAASVVSLSW 60
FFTFGV AIFS RSPWACSADI PAFSAAARML CGSVMSSFLD QTRIHSSRDA FSSISGCSKF120
TAVRKRMADK LPFSSITDKK SLGKWMGIWR WCLRSFKSFA MYSPLRGSRP GGLFPLSFMI180
50 PVMRLGRNCR LMFQIF 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

15

EQRASAMRSS RAFRTVCSSW ATHGQLPAGL DDKTNIKTVC TYWEDFHSCT VTALTDCEG 60
AKDMWDKLRK ESKNLNIQGS LFELCGSGNG AAGSLLPAFP VLLVSLSAAL ATWLSF 116

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

40

KRESGFPTIL YECFQHHRES QRPQRTNGSS SRFPGAWSEC GWARGGSWPH AQKESQVAKA 60
AERDTRSTGN AGSRDPAAPL PLPQSSNKLP WMLRFLDSFL SLSHISFAPS WQSVRAVTVQ120
LWKSSQYVHT VLMFVLSSRP AGSWPCVAQL EQTVRKALED RIALARCSHG LHQIRYLHRE180
DQ 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

45 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

HLANKTQEIK RNKKENQDFP QSYMSVFSIT ENHNVPKELM DLPLDFREHG VSVGGRAGGA 60
GPTLRRKARS LKLPRETPGA PGTPGAGTPP PRCRCRRVRI SCLGC 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

EIYSLSRFIE VKMSKKISGG SVVEMQGDDEM TRIIWELIKE KLIFPYVELD LHSYDLGIEN 60
RDATNDQVTK DAAEAIKKNH VGVKCATITP DEKRVEEFKL KQMWKSPNGT IRNILGGTVF120
REAIICKNIP RLVSGWVKPI IIGRHAYGDQ YRATDFVVPD PGKVEITYTP SDGTQKVITYL180
VHNFEEGGGV AMGMYNQDKS IEDFAHSSFQ MALSKGWPLY LSTKNTILKK YDGRFKDIFQ240
EIYDKQYKSQ FEAQKIWEYH RLIDDMVAQA MKSEGGFIWA CKNYDGDVQS DSVAQGYGSL300
GMMTSVLVCP DGKTVEAEAA HGTVTRHYRM YQKGQETSTN PIASIFAWTR GLAHRKLDN360
NKELAFFANA LEEVSIETIE AGFMTKDLAA CIKGLPNVQR SDYLNTFEEM DKLGENLKIK420
LAQAKL 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

RLLPKHLQRR QALYCYQALL CGLTLWSRQK WKQWDWWTSP VLSGTCGSDG LQSRGQPLLL60
LSCHLDKPAR WSSCRESHTL GPQSPTARHH HSFYRPR 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 10 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

-LILIIHPHGN TTTFEKVMYQ VCHLLGSVTW CVGYLYFSRP RNNKISCSVL IPISMTTYDD60-
RFYPSTHKPG DIFADNGFSE DRATQNISYG AIW 93

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 30 (A) LÄNGE: 410 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

45 TDQPNIQSVK IHSLPLRNPV KGCECPPRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPKGTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTSPPNK120
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFQAKDVE GSTSPQIGDK VEFISDKQR PGQQVATCVR180
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVSLEL GDMVEYSLSK240
GKGKNSAEK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300
50 GEVYPFGIVG MANKGDCLQK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVIPKSSGG LAGSGACRCF 410

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60
LPFLQAIPFV GHPNDAKWID LTFHIALLHN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120
LSNAIH 126

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

40

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

ATMRLSVCLL MVSLALCCYQ AHALVCPAVA SEITVFLFLS DAAVNLQVAK LNPPPEALAA60
KLEVKHCTDQ ISFKKRLLI 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

SVQCFTSNLA ARASGGGLSL ATWRFTAASL KNKKTWISEA TAGQTRAWAW

50

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

QVAVEKTLET QVEHFYMSHT HIFSLFPPT FSNEKPFELKR YLIGAVLHFQ LGCKSEFWRWI60
KFGNLEVYRS VT 72

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

SFSPSLTTRA MNSSASSTST CSSYTLGTRL PVGGRGPTKV TCCTSNRLTL SLD

53

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

ALVVRFLTKR FIGDYERNAG NLYTRQVQIE GETLALQVQD TPGIQVHENS LSCSEQLNRC 60
IRWADAVVIV FSITDYKSYE LISQLHQHVQ QLHLGHPAAC GWSWANKSDL LHIKQVDPQL120
G 121

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

10 GPLPALAAGS TFPVLACSSA MAPKGSSKQQ SEEDLLLQDF SRNLSAKSSA LFFGNAFIVS 60
AIPWLYWRI WHMDLIQSAV LYSVMTLVST YLVAFAYKNV KFVLKHKVAQ KREDAVSKEV120
TRKLSEADNR KMSRKEKDER ILWKKNEVAD YEATTESIFY NNTLFLVVVI VASFFILKNF180
NPTVNYILSI SASSGLIALL STGSK 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

30 VLHQDSSPSC LLAPNRPCQL HPLALCLWVA CGIWKSSRVV RVGDTRCFYS LEPLKNPAEC 60
NSVFVYWLFF DRLLKLNEIK GKLRVLGRLL KGKKCLAMCC NHKRRK 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

STYGQYVVHC GVEVLQYEEG SNNDHDQEQS VVIEDGKCCS FIISNFILLP QDSFIFLLPR 60
HLSIISFRKF SSHFFGNSIL PLLCYFVLEN KFHILVCKGY QICAY 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTQDN LDLANVNLML 60
ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSGL120
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKVYEYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSSYH300
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQRSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360
TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480
SLYLYYKGLS KTLTTFKFDT VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540
GTIKVLELV 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60
SSCFFFTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

15 FPSSLLFFFF FFFFCGSIN FYCFVIYFYS KEFVSLSQKL DNTTKSSNVH GVTLMVESWL60
GIPNVPKVIK EGKEKKKKIF KTNPKPMMTL GRDIT 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

20 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

35 KKMVRLGLFS CLLAIYSLW IVCIPYLLSI GLCVDILFLF VQHLLPHLLV TQPLFICGEP60
IPCGLGEHVT RPGLLSPTAS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5 LKKGKWAKAI HNRKCKWPRN MKRCSSSLIF KEKKEILPTR LAKIFKDSGL ADYRQTGILT60
NDGVVNW 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 10 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

25 SPEVGQALGT AGSRASRKMT SELSSLSISA SIRVSPQTD LHMAYQAYM VLGSWDLHKA60
FFPVVPAEVL LRAFLSLA 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- 30 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

QAGKRALYKH TQTNTSGDGC VLLEQRLIKH SVCWLSVPLL ENNELGKEQL IRKCALLTVH 60
ITTKSWQLLK EKGLCRCSN LSVNSCQQPQ RLPPQHTLIT CVCLA 105

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15 LSLTSRMEEA ELVKGRLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNOQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120
RTTEDIIRSV KVEREERAEE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180
AMEIKVEKDL RTGESTVLSS IPLPSDDFKR SRSKSL 216

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FCFFISSCSF PLLIPSRSHF SLKAFFFKCW CFSLSSSIFR RFCEISSCIF LLSVMAWSLP 60
FTSSASSILE VKDSQTGKQV QSYHKSRSLG GERSGGDRRE AGRNPLFAPV EK 112

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 339 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

SSQLRRRLVP APAAPRPRPN HGVLRGRLRG DRWQWSHWAK WAMLFASGGF QVKLYDIEQQ 60
QIRNALENIR KEMKLLEQAG SLKGSLSVEE QLSLISGCPN IQEAVEGAMH IQECVPEDLE120
LKKKIFAQLD SIIDDRVILS SSTSCLMP SK LFAGLVHV KQ CIVAHVPNPP YYIPLVELVP180
10 HPETAPTTVD RTHALMKKIG QCPMRVQKEV AGFVLNRLQY AIISEAWRLV EEGIVSPSDL240
DLVMSEGLGM RYAFIGPLET MHLNAEGMLS YCDRYSEGIK HVLQTFGPIP EFSRATAEKV300
NQDMCMKVPD DPEHLAARRQ WRDECLMRLA KLKSQVQPQ 339

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

15

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KDPQITQKGI TKIITKIFCP HINMKTTITG CQIILKCNQA EKEKVKISRL SAQVAGNRQP 60
RERKCCCAAR PRAMIQSDGQ TTGLHHPTQA AHKTASLGSP WAATYVTEG 109

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

LNIPSALRCM VSRGPMNAYR MPNPSDMTRS RSLGDTIPSS TSRQASLMIA YCRRFRTKPA60
TSFWTRMGHC PIFFIRAWVL STVVGAVSGW GTSSTSGM 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

TMFFTCGPNE AMVVS GFCS PPVMVAGGRV FVLPCIQQIQ RISLNTLTN VKSEKVYTRH 60
GVPISVTGIA QVKLSEPFPH SPLPHHPLSQ TLRHLLATVF STLACREVPL LVSSFPGTPR120
HLPPPPFFP 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

DGDPMASVNL FTLDIEGQCV ERDPLDLLDA GQDKDTPSSH HDWGASAEPG DHHGLIWATS 60
EKHGSGWSFR DAGGSPAGVS GRAGSRRDLG AGQGPLADQL SWELAPSRVP HPAAPRCC 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

10 WPSGGPLTSP GQCGSQPPS SPATSDRRPP TSPCSAPGFL PVARVGVGKV WWGSHEVRGK 60
AEREGRALSE MLLPFQKKK GGGKCLGVPG KDTSRGTS L QARVEKTVAR RCLNVWERG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

15 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

30 GRRTLFLATF GGYPGSLGCS LSGEANISLV SFFHPLNCKL RITQAHHYSR LGLASQSTLC60
PACHCKELL LCQPKQRKYG FSCIIFPFGW FVF 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

NLIYPNSSMY SDTFSEKARI IGAVLSIKGK SSDHLHYNFL CLFSAGEEIH IYSTPHWTLQ60
NACIFCPSAI CSLPFCLLKE LSNIVFPKMF STGH 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

20 GHMHILDRF CTAQLEWVPV TWTGVQYTIC VQYRKPSAV ARELYSNSLS AQANQVRKTA60
IWLEDFQETA VPVGRYYLR GGRGTDIKQE GF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

25 (A) LÄNGE: 458 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

45 RGKRRRHRLP ALPPRLSPS AATMSASAVE ILDVKGKPLI SRNYKGDVAM SKIEHFMPLL 60
VHGEEGALA PLLSHGQVHF LWIKHSNLYL VATTSKNANA SLVYSFLYKT IEVFCEYFKE120
LEESIRDNF VIVYELLDEL MDFGFPQTTD SKILQEYITQ QSNKLETGKS RVPPTVTNAV180
SWRSEGIKYK KNEVFIDVIE SVNLLVNANG SVLLSEIVGT IKLKVFLSGM PELRLGLNDR240
VLFELTGRSK NKSVELEDVK FHQCVRLSRF DNDRTISFIP PDGDFELMSY RLSTQVKPLI300
WIESVIEKFS HSRVEIMVKA KGQFKKQSV NGVEISVPVP SDADSPRFKT SVGSAKYVPE360
RNVVIWSIKS FPGGKEYLMR AHFGLPSVEK EEVEGRPPIG VKFEIPYFTV SGIQVRYMKI420
IEKSGYQGPA LGFRYIHPEW AITNFRYQLG RGEEMGGF 458

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

15

LVTKVGNRPL WVNVAKPQGR ALVTTFNLNDL HVSDLDPRDG EVGDLKLDPD GGPALHLFLF 60
HTGEAKVGSH QVLLAPRERL NTPNHDVSLR HILGAAHTGL ESGGVGIAGY RHRYLHTVGH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

20

- (A) LÄNGE: 246 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

GISNLTPMGG RPSTSSFSTL GRPKWARIKY SLPPGKDLIL QITTFLSGTY LALPTLVNL 60
GESASLGTGT DISTPLATDC FLNCPLALTM ISTRLENFS MTDSIQISGL TWVLRRYDMS120
SKSPSGGMKE MVRSLSKRES RTHWWNFTSS SSTDLFLLRP VSSKSTRSLR PSRSSGIPDR180
40 NTLSLMVPTI SLRRTLPLAL TSRLTDSMTS MKTSFFLYLI PSERQDTALV TVGGTRDLPV240
SSLLLC 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

45 (A) LÄNGE: 275 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

10 MNTRLQVEHP VTEMITGTDL VEWQLRIAAG EKIPLSQEEI TLQGHAFEAR IYAEDPSNNF 60
MPVAGPLVHL STPRADPSTR IETGVRQGDE VSVHYDPMIA KWVVAADRQ AALTKLRYSL120
RQYNIVGLPT NIDFLLNLSG HPEFEAGNVH TDFIPQHHKQ LLSRKAAAK ESLCQAALGL180
ILKEKAMTDT FTLQAHDQFS PFSSSSGRRL NISYTRNMTL KDGKNNVAIA VTYNHDGSYS240
MQIEDKTFQV LGNLYSEGDC TYLKCSVNGV ASKAK 275

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

SEVIILENTI YLFSKEGSIE IDIPVPKYLS SVSSQETQGG PLAPMTGTIE KVFVKAGDKV 60
KAGDSLMMVI AMKMEHTIKS PKDGTVKKVF YREGAQANRH TPLVEFEEEE SDKRESE 117

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SLRFTSNSIN RTFQVSAVSL AVKITKDLES FIFNLHAIRP IMVIRYSYGY IVFTIFKSHV 60
SGIRDIQSSS TARRKWRELI MCLKSESVGH GFLLDETQG CLA 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

ADKMFLPLP AAGRVVRRRL AVRRFGSRSL STADMTKGLV LGIYSKEKED DVPQFTSAGE 60
NFDKLLAGKL RETLNISGPP LKAGKTRTFY GLHQDFPSVV LVGLGKKAAG IDEQENWHEG120
KENIRAAVAA GCRQIQDLEL SSVEVDPCGD AQAAEGAVL GLYEYDDLKQ KKKMAVSAKL180
YGSQDQEAQWQ KGVLFASGQE LGHANLMGDA SQLRLTPTRF CRNYLRRFSK LVVS 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

LPILKIFSNN FGKIWLASIS IGWRLPSNWR AQVLAQKQTG LLSARPPDPH FHRALPTQPS 60
SFFALGHRIH RDQAPLPPQQ PERLHRDPPP QTRAPGLESA CTPLQQQL 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

CFLCLHASFP VRRFQLPFCR GQLAPRWGSP DADHKRFESS LPSEVVQICS KSLSAFQLTI60
YQNSLLHL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180
LLFSLWL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60
RLPGARAGPS QEVLPF 76

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

25 TGLCNISSLS ACTSSLKQAD MRKALLKSGG KVTRGRLLLEL FFKAKGKKEG QLRPPPKAPG 60
SHEVSGCLAA SGLICEMGSL LPHLASPSAQ LSERLSLQQL RHWPLGHPEH SR 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- 30 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

45 CHARLNTDSS RLAAMLLMVL MLAALLLHCY ADGCKLLED MVEKTINSID SIPEYKELLQ 60
EFIDSDAAAE AMGKFKQCFL NQSHRTLKNF GLMMHTVYDS IWCNMKSN 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- 50 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

LVEETLLEFP HSLCSGITVY ELLKKLFVFR YRYVGIDGLF NHVLQEFAAR ICIAVQEEGR60
QHEDHQQLHG EAAAVCVQSC VA 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

LLFILHQMLS YTVCIISPKE FRVLCDWLRK HCLNFPPIASA AASLSMNS 48

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

QAVGEKLSSR DSDLMEDRCF PHFSFSPKKV LLLSPFKQPV SLNFCGHGTD KDPVES 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- 5 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

20 IFVAMGQTRT PSSAELRKSP ATSLAIKLQP SHPTRASEEW PLLAGNPLQW AS 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

40 WPKMSQDFSL VQLKTGSLSV PWPQKFRLTG CLKGDRSRTF LGEKEKWGKQ RSSIRSESL60
ESFSPTA 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- 45 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

GSSWAEDFKC DISVPKTSLL FAQSCRSMYF LLQYVPIYKF ISHTYNRAHV CTCTRTHTHS60
LSTR 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

SGPLLPAKNR EVAGLKTLSV TFQFLKHHCY LLKVVGLCIS FSNTSPFISL FPIHTTVHMC60
ARAHATHTH SQLV 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ARIQTPEQHS QVTLFDYNEE MKMGGYLGIG IPSALKVSKL LTCEQHRTPL LWSSFQLRML60
QFSKSIYYS 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

QLRGGVQRHD RREGEMVCVE LVASDKTNTF QGVIFQGSIR YEALKKVYDN RVSVAARMAQ 60
KMSFGFYKYS NMEFVRMKGP QGKGHAEMAV SRVSTGDTAP CGTEEDSSPA SPMHERVTSF120
SRPPTPERNN RPAFFSPSLK RKVPRNRIAE MKKSHSANDS EEEFREDDGG ADLHNATNLR180
SRSLSGTGRS LVGSWLKLN R ADGNFLLYAH LTYVTLPLHR ILTDILEVRQ KPILMT 236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DEEVALGQRQ RGVLPGGRRW SRSAQCQNP VSVFVGHRTV PGRVLAEAEQ SRWKLPSLCT 60
LNLRHVAAAS DFNHRPGSSA EAHPPDLAAC GACAEPRPGP ALGVLP SAYL STATGVCDGT120
PVLEPQPGEA TRLPGGPPTA RTPAQTEVPL TGPAGAASAL C 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VCIEKEVSIC SVQLQPGPDQ GPSCARQGPR PQVGCIVQIG STVVLPEELL AVVGRVRLH 60
LSDPVPGLHP LEGWGEGRP VVPFWGGGSA EGGHPLVHGR SWAGVLFSPG GGCVTCTHSA120
DRHLGVALAL GALHAHKLHV AVLVEAKRHL LCHAGGHAHP VVIHLLERLV ADGALKDDPL180
ERVGFVTSHQ LHTDHLSEFT VMSLNTSSKL SIMKKMLG 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

YPQDPPGGAS RRLDDLELC PGEKTAPVWA LSAEEEEAMH FSLAFFLHGS SVFLQITCCH 60
EFLCMRHISS CLYAEVPFIL SIGWWTGERG PRCPTSCASA VGGDRAPRHG GGGHLPHVWG120
GRRHPGTEGS LQR 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

5 RLPSVPGCLR PPQTCGRCP PPCLGARSPP TALAHDVGHL GPLSPVHQPI ERMKGTSAYR60
HDEICLMHKN S 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

10 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

25 RGLQHTDMMK YASCIKIHDN MLFAKKQTNH AGKMPGKSAW QLPPQHSGPT QERFSPQDTA60
PSRPEASVMP LLAGPEGIRA PLLLTVDAAT HSMQH 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

30 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

45 QKKKMSFRKV NIIILVLAVA LFLVLHNF LSLSSLLRNE VTDGIVGPQ PIDFVPNALR 60
HAVDGRQEEI PVVIAASEDR LGGAIAAINS IQHNTRSNVI FYIVTLNNTA DHLRSWLNSD120
SLKSIRYKIV NFDPKLLEGK VKEDPDQGES MKPLTFARFY LPILGSQRQR KARLHGVDDV180
50 ICGRWDFLPF TLQQ 194

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RFHGFPLVRI LLYFSFQKFR VKIDNEVSDA FQGITVEPGP EMVCCIVESN NVENHIGASV 60
VLNAVYSCNG PPKPVFRCSD DHRNLLSPI YCMSESIWDK VYRLRPYNS 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

NLAKVKGFM D SPWSGSSFTF PSKSLGSKLT ILYLMLFRES LLSQDRRSA VLLRVTM 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

5

LPAATNRLKR GKGSSTGSSS GNHGGSGGGN GHKPGCEKPG NEARGSGKSG IQGFRGQGVVS 60
SNMREISKEG NRLLGGSGDN YRQGSSWGS GGGDAVGGVN TVNSETSPGM FNFDTFWKNF120
KSKLGFINWD AINKNQVPPP STRALLYFSR LWEDFKQNTF FLNWKAIIEG ADASSLQKRA180
GRAESELQLQ PACVSHCLWW EVLSQDPCKG GESHLLPRLP GCNLGLLAVG 230

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

30

TRTRSPPAP EPSSTSADSG RISNRTLLSS TGKQLLRVRT RHHCRNVQAE PSQNYNYNQH 60
AYPTAYGGKY SVKTPAKGGS LTFFLGFPGA TWACLQLGEV LVRQFLATNH RRPRKKHWVR120
QGKLLPPLGP PALWQAPGPG L 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

35

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

RVRTLNNCFP VEERSVLFEI LPESAEEVEEG SGAGGRDLVL VYGIPVDETQ LGFKILPESV 60
KVKHPRRRLR VHSIDSTNSV TSSTAPARPL PPIIVSRASK EAIALFAYFP HVAGNSLSSE120
ALNPRFPAPA GFIPWLFTPG FMSISSAAPT VVAGGGAGAG SLPPL 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

20 ERSHLQPGAV GITESPILGL GSAMTTEIGW WKLTF LRKKK STPKVLYEIP DTYAQTEGDA 60
EPPRPDAGGP NSDFNTRLEK IVDKSTKGKH VKVNSNGRFK EKKKVRATLA ENPNLFDDHE120
EGRSSK 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

25 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

YVLNTIIVGK GEEKIPHPLP RFGPCSFPLR VCDLPSAKVM AKTG TNRPNY HQSSLLQHPN 60
RVPGSSVPSA PEGKVPGSLP PVLGGELKFS VSASGSTETS PYHVASGKCA LLRIGPGSSH120
R 121

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

10

TRVPLYVVRG RVEDPGISQA LQKWRHINTN LKNSHFLPAG INWPHSFSYG QRGQRGKVL60
QIWLMAGSQE VLAPSSALHF DDRPSS 86

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

GSGSPAPRKL HDFALCSAPL CPLFPRETSR SHIFLTDFEA VCLHSDWEHW DHFHHADSGG60
NGCIPFHDPT CVY 73

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

FVAMCSKQAS LNHGLLGLTL VFLGPLNRHR SGHGKGYIHY HHCRLDENDP SVPNQNANRQ 60
LQNQSRKCGI WKSLLEGGGR GELSRGRNRA VYAE LGTPSL RARGGR 106

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

VLRWYSSDPS IDTGRVMERD TSITTTVGMM KMIPVFPIRM QTDSFKISQE NVGSGSLSWK60
EGAEGS 66
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

GCACFRPPSP AGGARTSAGR SPSSADVGSR TQSRSRRRRAA HSRCCVAFPS SFTPRSRRRP 60
45 KRRRRRRREND PAASSLPPAH LPCSVSQSAA GARLVLRPRA CGAQAQRP 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

GAPAFALLQ REGRGLPRGG VRLVLTAAE PKVDRGGGLH IPVVALRFLP LSLRAHGGGQ 60
SGGDGGARTT RRPVLFLLRT CPARSVSRRP APGLCSDLAL AAPRPSGRS 109

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

IEAAGCTFPL LRCVSFLFHS ALTAAAKAAA TAARERPGGQ FSSSCAPALL GQSVGGRRPA 60
CAQTSRLRRP GPAAVASVWP ENLGAPAARA PRAEPRSGSR GGRRVSESEG WPGQVVAPRR120
35 WSPSKGSVWP TRSTARTSPS AATSPRPREM PPKRRRL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

40 (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

SSAQGEPPGP GRRLLRAPTE SRSEGKSMFA GVPTMRESSP KQYMLGGRV LLVLMFMTLL 60
HFDASFFSIV QNIVGTALMI LVAIGFKTKL AALTLVVWLF AINVYFNAFW TIPVYKPMHD120
5 FLKYDFFQTM SVIGGLLLVV ALPGGVSM D EKKKEW 156

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

25 LGACSWWWPW ALGVSPWMRR RRSNGSHRSL PAWLRPVAVK DWFGVDSTKL PAFMYPLPFP 60
SLGKGTDVLR TLFAETPENR WLSLLWSHSL ASDPSVQASL AAGSLPHAEA LE 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

30 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

45 SQRVCKYSPG SLLPYPRILV RSSNGFRTWV LFSCDHSSAH CMKTGLSQCF NLTRAVSWST 60
PRSLVPYDS PHQMTLAKSR FLCGQGWLAD WWKVGWTKGG HVSSQHGFCT SSASVLVGVP120
VSPGPGWARA 130

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

15 GTSGTSHLHP RSICMIQKYN HDGEAGRLEA FSQGESVLKE PKYQEELEDR LHFYVEECDY 60
LQGFQILCDL HDGFSGVGAK AAELLQDEYS GRGIITWGLL PGPYHRGEAQ RNIYRLLNTA120
FGLVHLTAHS SLVCPLSLGG SLGLRPEPPV SFPYLHYDAT LPFHCSAILA TALDTVTVVPY180
RLCSSPVSMV HLADMLSFCG KKVVTAGAI I PFPLAPGQSL PDSLMQFGGA TPWTPLCACG240
EPSGTRCFAQ SVVLRGYRQS MPHKPQT 267

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

40 QVARVAGPGS HPRTRGRQES CEQSGARDQK LCLIDDRCS GPPHDGRDQV AGPRLLEFPAL 60
NIHLVAALPP SRLPQRSHRA GHTGSGSPAS SHIPPRRNAA CPPALPGTWV PLGHFPLG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

LGKATCSRRL PTCTQWGPWG GSSKLHQGIR KGLAWSQGER DDCSCCHHLF PTEAQHVSQM 60
NHGNWRGTQA IRNSDCVQGC SQDGTAVEGQ SGIIMQVREA DRWLGSQAQA PTQGQGADKR120
AVSSQVHETK SCV 133

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

15 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

30 PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

35

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

GSSRRHGGGY AAVALLVLLL LGPGGWCLAE PPRDSLREEL VITPLPSGDV AATFQFRTRW 60
DSELQREGVS HYRLFPKALG QLISKYSLRE LHLSFTQGFV RTRYWGPPFL QAPSGAELWV120
WFQDTVTDVD KSWKELSNVL SGIFCASLNF IDSTNTVTPT ASFKPLGLAN DTDHYFLRYA180

VLPREVVCTE NLTPWKLLP CSSKAGLSVL LKADRLFHTS YHSQAVHIRP VCRNARCTSI240
SWELRQTLNV VFDAFITGQG KKDWSLFRMF SRTLTEPCPL ASESrvYVDI TTYNQDNETL300
EVHPPPTTTY QDVILGTRKT YAIYDLLDTA MINNSRNLNI QLKWKRPEN EAPPVPFLHA360
QRYVSGYGLQ KGELSTLLYN THPYRAFPVL LLDTPWYLR LLHPLPACPG PAATPPPGDA420
5 DSAAGQ 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

10 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

25 SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60
SSAPLSTST PPTQSLPLPP SNPWVWPM TL TTFECAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120
PRQASLCC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

30 (A) LÄNGE: 481 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

50 AQDTGGPGRQ SGHGGDLQIP ISLFLRRLNT QHWRPGSRKV MAVVPASLSG QDVGSFAYLT 60
IKDRIPQILT KVIDTLHRHK SEFFEKHGEE GVEAEKKAIS LLSKLRNELQ TDKPFIPLVE120
KFVDTDIWNQ YLEYQQSLLN ESDGKSRWFY SPWLLVECYM YRRIHEAIIQ SPPIDYFDVF180
KESKEQNFGY SQESIILCT HLQQLIRTIE DLDENQLKDE FFKLLQISLW GNKCDLSLSG240
GESSQNTNV LNSLEDLKPF ILLNDMEHLW SLLSNCKKTR EKASATRVYI VLDNSGFELV300
TDLILADFL SSELATEVHF YGKTIPWFVS DTTIHDFNWL IEQVKHSNHK WMSKCGADWE360
EYIKMGKWVY HNHIFWTLPH EYCAMPQVAP DLYAELQKAH LILFKGDLNY RKLTGDRKWE420
FSVPFHQALN GFHPAPLCTI RTLKAEIQVG LQPGQGEQLL ASEPSWTTG KYGIFQYDGP480
55 L 481

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- 5 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

20 FTHISVSTNFS TKGINGLSVC NSFRNLERRE IAFFSASTPS SPCFSKNSLL CRCNVSITLV 60
KICGILSLIV RYANDPTSCP ERDAGTTAIT FRDPGRQCWV FNRRRNREIG ICKSPPCPDC120
RPGPPVSC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- 25 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

ELLNQVKGDH RTEIFHIFQW STSWAQRPGA VPLAQAADQP EFQLLMFLWY RVVQDGSSE60
PDEMEQKTPI FCHLSTSCNS NHP 83

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- 50 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

FYDRRDCFVA VSFLRGLSLW LHFYLWWLCY GGAEMRQKRK GDLSPAELMM LTIGDVIKQL 60
IEAHEQGKDI DLNKVKTKTA AKYGLSAQPR LVDIIAAVPP QYRKVLMPKL KAKPIRTASG120
IAVVAVMCKP HRCPHISFTG NICVYCPGGP DSDFEYSTQS YTGYESQPP 168

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

GGTAAMISTR RGWAERPyla AVLVFtLFRS MSFPCSWASI SCLITSPIVS IISSAGLRSP60
FRFCLISAPP 70

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

IDVFPLLVG F NQLFN NISYS QHHQLSRAEI SFPLLPHFCA AVAEPPEIKM QPQTQTTEKA60
DSHKTIPPVV K 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

5

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

KPRQLPNMAF LPSPAWWISL LAVPPQYRKV LMPKLKAKPI RTASGIAVVA VMCKPHRCPH 60
ISFTGNICVY CPGWDLILIL SIPPSLTLGY EPTSMRSYSV PDMDPFYRT RTPD 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

WVSPLTWASR PCDTEEGRQA MISTRGWAE RPYLAÄVLVF TLFRSMSFPC SWASISCLIT 60
SPIVSIISSA GLRSPDYGGF TTRPGSNILG SRVGHYTHQT MEDSPPDQEA TAWAPELATP120
PCTDEDR 127

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

50

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PHTTNPTCFK LFLIRCPCPV RKRVIWHGI APHGGWLIAQ CKTGWNTQNQ NQVPPRAVYT60
YISCKTDVWT SVGFAHSHD SNPTSSSDGF RL 92

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

DLSRPGGTRF VLTIQQTFFS KVFVQDNFKN NIKINNGFDF SLKIEKKGVG GGVNHWPPFF60
WRGPIGIVRP WSGGLS 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

RTFVLFYHRL TLQLLINTSF GDVWCKTHKH TQKSTSPLHD PSLLSGTISA ASCTLLGPPP60
IHRGFRGTQI TAGFQFFFN TFLWSVPTAL SVLLKLE 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ILHLEMYGVK HTNTHKKAQA RCMTRLSEFLG LFLLRPAPSW AHLRFTEVSG GPKSLLVFNF60
FLTIHFCEGQF QQHCPYF 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

ILIDGVRAAF IPYREYNGAR LSRDFISA

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

HQFHNYFNLL GFHLLILKF HQQWGTEK

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

15

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

APGPQAILII NLNRWGKSL HPIQRIQWC

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

35

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

AEIKSLLSLA PLYSLYGMKA ALTPSIKIYY

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

20 AMKVLSFLLC IRISFLFVVE SIVRGISKLN EVN 33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 25 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

40 AINKVSSGYG PLALLGFSVS VEAAQRISLN FSQKWLLT 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

FTSFNLLIPR TILSTTNRNE ILIHKRKLKT FIAYVGLSNK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

10

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VNLLKYGQIH LAVKQLNIHC YLIKVFVSVL PGPNIKTTSV QKINVQRAVC SLFWYVHFKK60
TPLSSLANQE Y 71

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

RFYLYFILSR GTNSRHTFAR PSCRKTQSRK GKNKIAIKYM VLGAGRTRNP QGDQFLARSF60
FRVYPVE 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

15

KNLEFFSPST SYLLLLQNSSE GFIIYILSYPE GPTAGIPLPG LLAERHRAVK AKIKLQ

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- 20 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

35

TPNSRGAGRV VRGSARGVGR SCASWLPVGR RCRTSETGSG ASRRSRAIGS PPPSPCPWSA 60
NSASSARPTS SSGPKPSFIA FRFGGQSLPP FISLWVQELD FFIWSIYISY ISILRDLKQE120
LLMGGQQTII SCSSLTGFAS 140

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 279 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

5 QSRSRPRREG VGTGSRAVLC ILATCGSKMS DIGDWERSIP AITRYWFAAT VAVPLVGKLG 60
LISPAYLFLW PEAFLYRFQI WRPITATFYF PVGPGTGFLY LVNLYFLYQY STRLETGAFD120
GRPADYLFML LFNWICIVIT GLAMDMQLLM IPLIMSVLYV WAQLNRDMIV SFWFGTRFKA180
CYLPWVILGF NYIIGGSVIN ELIGNLVGHL YFFLMFRYPM DLGGRNFLST PQFLYRWLPS240
RRGGVSGFGV PPASMRRAAD QNGGGGRHNW GQGFR LGDQ 279

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

(A) LÄNGE:106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

30 IDQIKKSSSW THREIKGGSD WPPNLKAIKE GFGPEEEVGR ADEAEFADQG HGDGGGEPIA 60
RDRRDAPEPV SDVRHLRPTG SQDAQDRPTP RADPLTTRPA PRL LGV 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

50 LEPLEPNRLE LKKGYLTLSD SGDKVAVEWD KDHGVLESHL AEKGRGMELS DLIVFNGKLY 60
SVDDRTGVVY QIEGSKAVPW VILSDGDGTV EKGFKAEWLA VKDERLYVGG LGKEWTTTGT120
DVVNENPEWV KVVGYKGSVD HENWVSNYNA LRAAAGIQPP GNLIHESACW SDTLQRWFFL180
PRRASQERY S EEGRAQGRQ PAAERLP 207

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 5 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

20 RWWATRAAWT TRTGCPTTTP CGLLPASSRQ VTSSMSLPAG VTRCSAGSSC RAAPARSATA 60
RKDDERKGAN LLLSASPDFG DIAVSHVGAV VPTHGFSSEK FIPNTDDQII VALKSEEDSG120
RVASYIMAFT LDGRFLLPET KIGSVKYEGI EFI 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 25 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

45 VGTAPTWT AMSPKSGEAL SSRLAPLRSS SFLAVALLAG AARQEEPALQ RVTPAGRLMD 60
EVTWRLDAGS SPQGVVVGHP VLVVHAALVA HHLHPLRVLV HHITRSGRPL LAQAAHVQTL120
VLHCQPFGL E AFLHGAVAVG QNHFGHGFAA FDLVDDPRPV IHGVEFFPIEN NQVG 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60
S 61

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

NTMAVAAVKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120
35 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

40 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60
RSFLKVFNEFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120
YVAIIVIW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

10 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

25 SRSKMAALRA LCGFRGVAAQ VLRPGAGVRL PIQPSRGVRQ WQPDVEWAQQ FGGAVMYPSK 60
ETAHWKPPPW NDVDPPKDTI VKNITLNEGP QHPAAHGVLR LVMELSGEMV RKCDPHIGLL120
HRGTEKLI EY KTYLQALPYF DRLDYVSM MC NEQAYSLAVE KLLNIRPPPR AQWIRVLFGE180
ITRLLNHIMA VTTHALDLGA MTPFFWLFEE REKMFEFYER VSGARMHAAY IRPGGVHQDL240
PLGLMDDIYQ FSKNFSLRLD ELEELLTNNR IWRNRTIDIG VVTAEALNY GFSGVMLRGS300
30 GIQWDLRKTQ PYDVYDQVEF DVPVGSRGDC YDRYLCRVEE MRQSLRIIAQ CLNKMPPGEI360
KVDDAKVSPP KRAEMKTSME SLIHHFKLYT EGYQVPPGAT YTAIEAPKGE FGVYLVSDGS420
SRPYRCKIKA PGFAHLAGLD KMSKGHMLAD VVAIIGTQDI VFGEVDR 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

35 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

55 QPSVHEHTHT HTHTHHTQR PISSEEQAPQ KKLIGRGDQT LLPCSPIYFS KYNILGTYDG 60
NDICQHVSLR HLVQTSQM GK TRSLDLASIR AAAAIRHQVH PKLSLGSLNG SICGSRNLV120
ALSIQLKVMN Q 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- 5 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

20 SQDTMRCWVL GPKVQGNVLH NCVLWRVHII PRWRLPVGCF FAWVHNSSPK LLCPFHIWLP 60
LPNTSAGLNR QSDSSPRPQH LGRDAPEAAQ SPQRRHLTPA 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- 25 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

40 RRLRGGEPT DRRRDPEST PAPPPTPRAM DPKDRKKIQF SVPAPPSQLD PRQVEMIRRR 60
RPTPAMLFRL SEHSSPEEEA SPHQRASGEG HHLKSKRPNP CAYTPPSLKA VQRIAESHLQ120
SISNLNENQA SEEDELGEL RELGYPREED EEEEEDAARL KS 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- 45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

10 VSLGRNLSAL PPLSLAHRHP ACISQEEVEG TSLFPRNPLY PHPVLCSSPR LLGLRLLTSR 60
RLRLVCVCLF AHLWLIPREP GHLLPDAHPC QSFLHSPSGR WDVRQPTLEN PENREQGFAL120
HNSTPQILSP GHRRPTGQDP KIWGKEVLRT LRYP 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

30 AQGLGLFDLR WCPSPEALWW GEASSSGEEC SESRNSMAGV GLLRRIISTW RGSSWLGGAG 60
TENWIFLRSL GSMARGVGGG AGVRDSGSRR RSVLGSPRR R 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

35 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

SDRWTCSPPL GARSMSRFPA VAGRAPRRQE EGRSRDLQE ERLSAVCIAD REEKGCTSQE 60
GGTTPTFPIQ KQRKKIIQAV RDNSFLIVTG NTGSGKTTQL PKLYEAGFS QHGMIGVTQP120
RKVAAISVAQ RVAEEMKCTL GSKVGYQVRF DDCSSKETAI KY 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- 5 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

20 QIGGRARLHS GPGLCPGFPQ SRAGRQGGRR RVSGQETSRK SGSRLFASPI EKRKDARPRR60
EELLQLFLFR NKEKRLFKL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- 25 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

40 IGKVGVPVPPS WDVHPFSSLS AMQTAESRSS WRSLDRSPSS CRLGALPATA GNRDIDLAPS60
GGEHVHRSE 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- 45 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

10 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

15

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKHFL60
KRRGMSFPLF DKKQPVMSKG AQERWVSHLE AFRTQL 96

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLALLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

5

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

IRKREQGRSS PAPWESVFAS VPFRGDDGIF DDNFIEERKQ GLEQFINKVA GHPLAQNERC60
LHMFLQDEII DKSYPSPKIR HA 82

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

30

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

45

RASPCPHGGQ QRRRRRLNAE GAEGARGGGS SYSEMAETVA DTRRLITKPQ NLNDAYGPPS 60
NFLEIDVSNP QTVGVGRGRF TTYEIRVKTN LPIFKLKEST VRRYSDFEW LRSELERESK120
VVVPPLPGKA FLRQFLLEEM MEYLMTILLR KENKGWSSL 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

50

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60
VIQVLRGLDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPPLLPAVGT RARA 114

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

35

RRAQESPLGR QSHLPRIYQA FLMSATFNED VQALKELILH NPVTCLKQES QLPGPDQLQQ 60
FQVVCETEED KFLLLYALLK LSLIRGKSL L FVNTLERSYR LRLFLEQFSI PTCVLNGELP120
LRSRCHIIISQ FNQGFYDCVI ATDAEVLGAP VKGKRRGRGP KGDKASDPEA GVARGIDFHH180
VSAVLNFDLP PTPEAYIHRA GRTARANNPG IVLTFVLPT E QFHLGKIEEL LSGENRGPI L240
LPYQFRMEEI EGFYRRCRDA MRSVTKQAIR EARLKEIKEE LLHSEKLKTY FEDNPRDLQL300
LRHDLPLHPA VVKPHLGHVP DYLVPPALRG LVRPHKKRKK LSSSCRKAKR AKSQNPLRSF360
KHKGKKFRPT AKPS 374

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

(A) LÄNGE: 224 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

5

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLRDS LELLVVDEAD180
LLFSFGFEEE LKSLLEWGRV TCPGFTRLFS CQLLLTRTYK HSRS 224

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

30

FFFFFFFFFG AAKIFILLSR GKMPAWKCQG AKGPSTAGPR TVCSGCAVST RASPVHEGCK 60
PVLHNVLSSR EAQQPQEGLA VGLNFFPLCL KLRSGFWDFE LLAFLQEEDS FFRFL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

35

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

50

YLQCQRSLCG AKCVTWAVET RHLLSPALMT LRKEDVIQ GK FLIPKLPVHV NRTSFYSSRC60
TGSLAP 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

FRSCLFMLTG LLFIRQDVLV PWHLKGNPDK GKPVEPFGPI GSQDPSPVFH RYYHVFREGE60
LEGACRTVSD VRILQSYDQ GNWCVILQKA 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

SGLLKNHTPV SLIVVALQNS DITHSPAGTF QFSLTEHVV TMKHRTWVLG SYGKWLNR60
AFIRISLKVP GNQYILTNNK KSC 83

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

5

ERRSKSREER EKEREREREE RERKRRREEE EREKERARDR ERRKRSRSRS RHSSRTSDRR 60
CSRSRDHKRS RSRERRRSRS RDRRRSRSHD RSEKHSRSRS RDRRRSKSRD RKSYPKHSKS120
RDREQDRKSK EKEKRGSDDK KSSVKSGSRE KQSEDNTES KESDTKNEVN GTSEDIKSEG180
DTQSN 185

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

15

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

30

YHFPSIQCLC LHS AFLDYRT SHYFFYHQIP SFLSPWIFYL VLCPDFCSCA YMTFDPGFLI 60
FFDPDFEICV FFLIDHGFCF FVDLYFCSAF FLYFVTFCGP ETCCIFCLMF GLSVYFVNDF120
SFFFLCHEPF LFLFLPLPFV FSFLFLPFLS PVLSSLCS CFSFLRRSSR IRLFGSSP 178

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

40

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VSPS DLMSSL VPLTSFLVSL SFDSVFVSSL CFSRLPDFTL LFLSSDPLFS FSLDFLSCSL 60

SRLLLLCLYD FRSRLFDLLR SRLRDLCLFLS DRSWLLLLRR SLLLLRLLSL LRDLLWSRDL120
LHLLSDVRLE CLLRERLLFL LSLSRALSFS LSSSSLRLFL SLSSLSLSRS FSLSSLLLLL180
LS 182

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

25 GFGMQLVILR VTIFLPWCFA VPVPPAADHK GWDFVEGYFH QFFLTEKESP LLTQETQTQL60
LQQFHRNGTD LLDMQMHASA TAAPLWGA 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

45 PRRSRHSLPR RHKHSSCNNS IGMGQTYLTC RCMLLLQQPH CGVPDGS DNC ISPGRCKWIK60
H 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

STCIFLARCS CRTHQAPHS G AAVAEACICM SSRSVPFRWN CCRSCVCVSW VRSGDSFSVR60
KN 62

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

35

VCPIPMELLQ ELCLCLLGKE WRLLLGQEK L MEIALNKVPS FMVCSRGHWN GETPGQEDSN60
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

40

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60
EEQ 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

KGWRSDFTVG GRQRDGQHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60
RGSRS 65

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120
LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240
KKAYDYFQA 249

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

ITGVQPEHIQ YLKNYFHLWT RQLAHIIYHY IHGPKGNEIR TSKEVEPFNN IDIEISMFEK60
GKVPKIV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

RIFITTIFMA QKEMKYEHQK KLNLSLIL KFLCLKKGRY LRLS

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

KVQLLLMFVF HFLLGHEYSS DKYALTVVSK GGNNFSSTVC VLVVPL

46

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

25 GRWRRRLRHG RGSAAEAVGPT AMAELLQEEL SVLAAIFCRP HEWEVLSRSE TDGTVFRIHT 60
KAE GFMDADI PLELVFHLPV NYPSCLPGIS INSEQLTRAQ CTVVKEKLE QAESLLSEPM120
VHELVLWIIQQ NLRHILSQPE TGSGSEKCTF STSTMDDDL WITLLHLDHM RAKTKYVKIV180
EKWASDLRLT GRLMFMGKII LDFTTGRQKQ PQGVLDSSN LQSRCGLKWK EMQREND 237

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

YLILLQGDRN NLKVYLILQK TSKVDVDSSG KKCKEKMISV LFETKVQTEH KRFLAFEVKE60
YSALDELQKE FETAGLKKLF SEFVLALVK 89

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

15

PLPKSNAKTT KNTAILLKDS CLPFHFTRAS TNSEKSFLSP AVSNSFCNSS NAEYSLTSNA60
RNLLCSVCTF VSNSTLIIFS LHFFPLESTS TLEVF 95

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

RAGLFPGRRV GLEAENGPC HGHGDFVPCP VLSARMSQPE AEEAALVAHA VGHDCVCSGG60
GVLLPHHRRN NL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

GRACFRGGAW GLRPRTALAA TNMETLYRVP FLVLECPNLK LKKPPWLHMP SAMTVYALVV 60
VSYFLITGGI IYDVIVEPPS VGSMTDEHGH QRPVAFLAYR VNGQYIMEGL ASSFLFTMGG120
LGFIILDRSN APNIPKLNRF LLLFIGFVCV LLSFFMARVF MRMKLPGYLM G 171

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

EAGCKSFHNI LSIYSVGQES YWPLMPMFIS HRTDTWRFNN NIINYSSGDE EVRHHHQSIH60
SHGRRHVQPG RLLQLQVGTF EH 82

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

HKVIVVWNNI GEKAPDELWN SLGPHPIPVI FKQQTANRMR NRLQVFPELE TNAVLMVDDD 60
TLISTPDLVF AFSVWQQFPD QIVGICFLES TSFTFIQGIY SYW 103

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

ESKNKVWGAD ECVIIYHQHC IGFQFRKDLE SISHPVCCLL FEDHRDRVGP

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

20

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

SGNCCQTEKA KTRSGVLMSV SSSTINTALV SSSGKTWSRF LILFAVCCLK ITGIGWGPRE60
FHNSSGAFSP ILFHTTITL

79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

40

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

5 GTLRHSVHV V PPKHGHKVL SSGVCSRLLG IQREGRNQEF QKHIHVATPA TSGILCSDKL60
HGWEVFFLAR 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

25 HLIPFMAKSS FRVGNTQTFC ACCSPKAWSS QSPEFWCVLP PPGYTERRQE SGVPEAYTCG60
YPSNKRHPVL R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

30 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

45 SGQCGMQLGP DQPSSEQMAV VPISTKPQRA RKNTSQPCSL SEHRMPLVAG VATCICFWNS60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

50 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

15 GLPARRPQCF LRAEMANSGL QLLGFSMALL GWVGLVACTA IPQWQMSSYA GDNIITAQAM 60
YKGLWMDCVT QSTGMMCKM YDSVLALSAA LQATRALMVV SLVLGFLAMF VATMGMKCTR120
CGGDDKVKKA RIAMGGGIIF IVAGLAALVA CSWYGHQIVT DFYNPLIPTN IKYEFGPAIF180
IGWAGSALVI LGGALLSCSC PGNESKAGYR APRSYPKSNS SKEYV 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

20

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

QHHHGPGHVQ GAVDGLRHAE HGDELQNVN LGARPVRGLA GHSSPNGGLP GAGLPGHVCG 60
HDGHEVHALW GRRQSEEGPY SHGWRHNFHR GRSCRLGSL L LVWPSDCHRL L 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

5 CCHPHRSSA TAGWRCRPPD PPSPAGPWRS PATAGPNWPF PPSNTGGAG RGDPTVKQTT 60
LGGQPHKRKL EVEFSGHPKR QKGFGPGECK SCHQTTHKST PPVKRWPRGT GSRIIRREGGS120
RQNWWSPKAR RFPPGALGDP LSPPASRLLT GVGP 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

10

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

NLTQVTLEFF CPPNVHASR LHFEALMNIP VLVLDVNDDF AEEVTKQEDL MREVGRTLTP60
VFLVVSLWLY LL 72

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

50 SPSHLSHEVF LFGYFLSKII IDIQHQHWNV HQSLKVEPIR SVNVGTEKK KCNLSQVSHT60
RQVLLREQI 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

15

KRYNQRETTR KTGKVLPTS LMRSSCLVTS SAKSSLTSNT STGMFIRASK WSL 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

35

SCWETKWTSC PRMLLATGRG CGSDCGRTVP APGSCWPLAP RATAPRQGRA TGRGESESAE 60
LVPHSGQGRA ADQRQDRLWS GRVDLCPSAL LALPWGRLLS GRHQRRQIHS L 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

40

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

5 TRNGSVFGCY RPHRFAGKS VSLVYSRGFQ HPPCAYHLLG QGRRSVSEAC RSYVTPDSNG 60
WKRTNGQDFL LLLLKTLNVK RKDWGQPGSS GPTSKFPLQV ILCQALFKK 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

10 (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

25 GPARRPAARL ARAGGPQAAD RAGKQSGPPA PGCSWLPAEA AGATVGGGLCP RRAPAGPWHQ 60
GPQRPVKDEP QDGENPNPPN WSRTVVRDVR LISAKTGYGV EELISALQRS WRYRGDVYLV120
GATNAGKSTL FNTLLESDYC TAKGSEAIDR ATISPWPGTT LNLLKFPICN PTPYRMFKRH180
30 QRLKKDSTQA EEDLSEQEQN QLNVLKKHGY VVGRVGRITFL YSEEQKDNIP FEFDADSLAF240
DMENDPVMGT HKSTKQVELT AQDVKDAHWF YDTPGITKEN CILNLLTEKE VNIVLPTQSI300
VPRTFVLKPG MVFLGAIGR IDFLQGNQSA WFTVVASNIL PVHITSLDRA DALYQKHAGH360
TLLQIPMGGK ERMGRISSC C 381

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

QPSTTCTSVL VCLLSAMPLP VALQTRLAKR GILKHLEPEP EEEIIAEDYD DDPVDYEATR 60
LEGLPPSWYK VFDPSGLPY YWNADTDLVS WLSPHDPNSV VTKSAKKLRS SNADAEKLD120
55 RSHDKSDRGH DKSDRSHEKL DRGHDKSDRG HDKSDRDRER GYDKSRNGIR DRGYDQADRE180

EG

182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

5

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

RRHERDGRCD SLPLPARVYW SVCYQLCRCP LRCRPAWPRE ASSNIWSLNQ RKRS LPRTMT 60
MILWTTTRPPG WRAYHQAGTR CSTLPAGSLT TGMQTQTLYP GSPHMTPTPW LPNRPRSSEA120
VMQMLKKSWT GAMTSRTGAM TSRTAAMRN 149

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

30

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

45

PRSRSLSDLS WPRSDLSWPL SSFSWLRS DL SWPLSDLSWL RSNFSSASAL LLLSFLADLV60
TTELGSCGES QDTRSVSAFQ 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

50

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

VAQQPALIHG YRKAVLTPNH VEFSRLYDAV LRGPMDSDDS HGSVLRLSQA LGNVTVVQKG 60
ERDILSNGQQ VLVCSQEGSS RRCGGQGDLL SGSLGVLVHW ALLAGPQKTN GSSPLLVAAF120
GACSLTRQCN HQAFQKHGRS TTSDMIAEV GAAFSKLFET 160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

35

ILNGNQFMLK LKIWQAPYAF STRVGPDPFI THTLSPVQGA CLLLVCAGSG FKELAEGGPH 60
LGDHVGGGGG ATVLLEGLVV ALPGERAGAK RGHQERAGPI CFLWSSKERP VYQDAQGARQ120
EVPLPSTPAA AAFLAAHKHL LAVGEDVALS FLDHRHVAQG LAES 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

40

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

5 KSGKHRTPSA HAWVRIFPSH TRSPPSKVPV YFWSARAQVS KSLKKAAPTS AIMSEVVVER 60
PCFWKAWWLH CLVREQAPNA ATRRGLDPFV FCGPARSAQC TRTPREPDRR SPCPPHLRLL120
PSWLHTSTCW PLERMSRSPF WTTVTLPRAW LSLSTDPWLS SLSIGPLSTA SYSLLNSTWL180
GVSTAFR 187

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

LFLFTNHNDS GKPGCKHQHC HQLRICDQEC HLTVTGRRQK 40

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

- (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

50 QAEDKSETGL MRITGKLALA PPENELFHSL ADHP 34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

15

NSSFSGGAKA SFPVIRISPV SLLSSACYRE MALLITDP

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

20 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

35

RQLEFGIVSIA TLTVLAYERY IRVVHARVIN FSWAWRAITY IWLYSLAWAG APLLGWNRYI 60
LDVHGLGCTV DWKSKDANDS SFVLFLEFLGC LVPPLGVIAH CYGHILYFHS NASLVWKIFR120
QFK 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

45 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

5

TVHSRGPCQS DQFFLGLEGH YLHLALLTGV GRSTSPGMEQ VHPGRTRTRL HCGLEIQGCQ 60
RFLCAFLIS WLPGGAPGCH SPLWPYSIF PFECFVGVED LQTIQVIKIL KYEKKLAKMC120
F 121

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

HPGAPPGSQE IRKAQRRNRW HPWISSPQCS LVRVRPGCTC SIPGEVLLPT PVSRARCR 58

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

AFTCDFVPLC GLLEQWTTKS AMQFIKVDLV ICHPTAYGPC KPVLEANIL

49

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15

FCTTLWPSGA MDNQVSYAVH KSGPGYMSSN SIWSLQACFG SQYSITYRNP LESDVFGSNI60
FSQGSNGL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

20

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

HITRSTFMNC IADLVVHCSR RPQSGTKSQV KAQTAPVILV VLSLHSSPLA KTGLNMKSPA60
PRPQ 64

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PLIS 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

10

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

YEQSLPFPS FSSAKLSLLW HSPFTQMTM PSVQNGGECL RAYVSVTLEQ VAQWHDEQGH 60
NGLWYVMQVV SLLDPRTSE FTAAFVGRV STLSKAGRE LGENDQILR AILSKMQQAE120
TSLVMQSLIM VFAHLVHTQL EPLLEFLCSL PGPTGKPALE FVMAEWTSRQ HLFYGYEGK180
30 VSSVALCKLL QHGINADDER LQDIRVKGEE IYSMDEGIRT RSKSAKNPER WTNIPLLVKI240
LKLINELSN VMGG 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

35

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

50

SLSGPNANEA DSHSGQHNAG PSRQDSCRAL CDTIDILTTV VRNTKPPLSQ LLICQAFPAV60
AQCTLHTDDN AISAEWRRVL AGLCVSDPGT SSPVA 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

20 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFFPAVAQ CTLHTDDNAT180
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGRLCFH240
PHLQGRAGTR GESRPDFFVP SFS 263

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

45 TLRCGGPGAG SPLASHTTVH CGPAHHATGL LVPGLTHRP ASTLRHSAWW HCHLCEGYTV60
PQQGKLGR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

10

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGRL CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60
LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

35

TRSSSPQTIT FDACVVIPCG DLQSQKQLSD SEKYLCPFKI KGSPYQDPCS LTNAGKQVCH 60
SWNEVVWTE YQGWTSSSTGG CMSLKPYIHF TKESTPHNCQ YNQCNPVQIS ILIPTSTD PK120
PTLSCGIWHG SRNSRGTSYW 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

DVPLLFRLPC HIPQLKVGLG SVEVGMRIEI CTGLHWLYWQ LWGVLSLVK

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

5

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

SECMVLRTYN HRLTRSSLDI QLSTPPHSSY GRPVFLHSLR NKGLDRGSLL S

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

25

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

SSSPLSFCWF LPSPAASCSS SCPSGMTSWS RSGPSISGFS WLTDRAACTC GVPSSPAPP60
KPLPPTGLSS TPAPGLAPAA ACPSEAPINT DLMVPFP

97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

10 GKGTMRSVLI GASEGQAAAG ARPGAGVEDR PVGGRGFSGA GELGQTPQVQ AALSVSQENP 60
EMEGPERDQL VIPDGQEEEQ EAAGEGRNQQ KLRGEDDYNM DENEAESETD KQAALAGNDR120
NIDVFNVEDQ KRDTINLLDQ REKRNHTL 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

15

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

GPRDRLIQPS YFQRGKWGLE VTEHLAGALA PLASHRLPSS WDYRHTVTEA GPVCNSRCHL60
QLKHSSYVMS LVTKVKLSHP EKAT 84

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

CGKKCITLFL FLSPSLPLWC LRYWGSHSWG HSEATRNAS LHLAVSARTR NPQTSSQTS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

TPRNLNFHSK LTQFHCVNTV SLGSTKHPIT QFCFIVWTPS RLQGHGQEV CEEVCGFLVL 60
ALTARCKLEA FLVASEWPQL WDPQYLRHHR GREGDRNRNR VMHFFPH 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

VAPAVGSPVS QAPQRQRGGQ EQKQSYAFLS TLKKRNYTFR GMLSPRSTSS PVFHDLP TKK60
I 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

10 CNCAPSLPDF SPLHPQCGIS LVPRGTPLDL WTSRPGQEA TRNPRPLLLK FTASVVVPDS60
SPAPGTTSTW GGAF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

15 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

30 ATVHPACQIF PHYTPSVAYP WSPEAHPLIC GPPGLDKRLL PETPGPCYSN SQPVWLCLTP 60
RQPLEPHPPG EGPSEWSSDT AGRPCPYPH CQVLSAQPGS EEELEELCEQ AV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

35 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

50 DRRSHGLLLY NLPGEQFKNM NQDPFDPLII QKSTQKYAQK YVGIH 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

ERLSHCRLV MLALISLCTP CTHAFSPV FY QASVSCITLK CDH

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

WIKRILIHIF KLLSREVV KQ QSMRASISLP LLGDACPHLP MYPMHSCLLS CFLSSLSEFMY60
YTKM 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNILSITL60
AYCYYYISSI YRQKGHF 77

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESEGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC 48

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

FRNPALIEPS VGSTAEIFRA FNILKMAFLS IYRGNIIVTV CKSDTQNV 48

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

15 EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60
ENGSPGSDSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

20 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

35 MCDFIRGICQ FSHCGSFSD F ACSSSKEARS FADFTIPQTC KFLTSSKLAL ALSSTFPFKS60
NLC 63

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

45 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

5

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWLFLQ60
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

10

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

LGDHIYNWDV NHFFSGIRAQ RHNLQGHIIY YEHFTVRLFI LPSTCAEMKP KQAVGFHKSI60
YVG 63

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60
ESFRRRLHKYV LCTCPMLG NR KIIVIDKT 88

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

15

LTVVYTVFYA LLEVFYVQL WLVLRYRHKR LSYQSVFLFL CLFWASRRTV LFSFYFKDFV 60
AANSLSPFVF WLLYCFPVCL QFFTTLTMNL YFTQVIFKAK SKYSPELLKY RLPLYLASLF120
ISLVFLLVNL TCAVLVKTGN WERKVIIVSVR VAINDTLFLV CAVSLICLY KISKMSLANI180
YLESGSSVC QVTAIGVTVI LLYTSRACYN LFILSFSQNK SVHSFDYDWY NVSDQADLKN240
20 QLG DAGYVLF GVVLFVWELL PTTLVVYFFR VRNPTKDLTN PGMVPSHGFS PQILFL 296

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

25 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

40 HRRHLRVLRA ALRVHLRAAL AGAALPPQAA QLPERLPLSL PLLGLPADRP LLLLLQRLRG 60
GQFAQPLRLL AALLLPCVPA VFHPHADELV LHAGDFQSQV KIFSRTQIP VAPLPGLPLH120
QPCFPVGEFN LCCAGKDGKL GEEGYRLCAS GH 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

45

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

10 LGFENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPPGGPEEA 60
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

15 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

30 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT AIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTEFT AAFVGAFVST240
LISKAGRELG ENLDQISSCH PSVKMAGG 268

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

40 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGRL CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60

LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ

97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

- 5 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

20

PPAILTEGWH EEIWSRFSPS SRPALEMRVE TKAPTKAAVN SEVRGSRWL TTCITYHSPL60
WPCSSCHWAT CSRVTDT 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

25

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

IGFASIPPRI SGSPSILLAF YPHPPSPKLG PVLLCARETP KFRRKSIFYR GGFILDQKNK60
KN 62

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

10 DLIYNYYCYP SDLSFSAIDV IAISRSSHNV FNPALILMLR MEFLTSSLKE PQPPNTYTYT60
SRIAK 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

30 LDSLPFHVF PDPHPSFWLF TRIRHLRSWG QCYYPVGKPR NLGENQYFTG EDSSLTKKIK60
KIKNTKKFMF LYCIPKECLY TVIILKENTS MLDI 94

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60

PASWGQWGRD FGLSEQLLA AHD

83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

- 5 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

20

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

25

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

TLNPHKTLA KKVAVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

10 YSFFFFLYQN NHLPLFFLER EEESGEEGKN AKCHFELLVH HTRGSPLMSA ASVHRPQVKE60
RMRSSWTS 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

15 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

30 KPSIHFFFSC TKTIIFLYFS WSGKRRVEKK GRMQSVTLNF SFTTHVGVHS CQQPPCTGPR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:

35 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

50 DAGCRFVAPA LSGSPEITPQ RQLPFVNTRQ AVLAGPTRPH SFFHLGPVHG GC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

VLGKSSMSIT IVWKANLHPK QIEVSQVKPH RMANRCLGCR MQVRGPGPVW LP 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

YRYVEPTTHY GYNGVELQTV KFCFGLVSPD PPRQELPLPP YLPALKLCPI KLDTNLTGF 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

5

VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFHTIL KCLLGKLTPE CSKGALHLLK PWGHTSSVAS60
EGQILWVVGDNFVLTYVIL 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

50

SMPFQFGTQP RRFPVEGGDS SIELEPGLSS SAACNGKEMS PTRQLRRCPG SHCLTITDVP60
VTVYATTRKP PAQSSKEMHP K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

15

GRASALACHR YRSDWASGLY ILAALSTSSS IGSSGGRGNW QQVGNYVKES PDVIISGCHR60
NI 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:

20

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

REHQLLSGND FQGTSGVAWL VTSPSHYRQH WSSAQVPAQL KNLLLPLETS LAGFQIEKAY 60
FTENQKRSL IPVEVNKSM L STGLSTEGWN CQRNDDQMFR 100

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

5 NSHLNVTLLI IMLIFSISYR NQSLCLKHRG LKNVYHSIFI 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

- 10 (A) LÄNGE:31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

25 GGIGYKGRYL NSSNNGYNPF FHNHLGCFKA I 31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

- 30 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

45 TLIPIRDAKN QHNYQCHIQ VGILPNTTIK GRIKLDNLIK KYKAFKNLTH HLK 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 432:

- 50 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

IALKHPKWLW KKGLYPLFEL FRYLPLYPIP P

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 433:

15

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

CNIFQWGPSE HTCWTVQTIS SPEGKYFCIR GNSVLERNMF FISQIKTLSN GKLASNFFKY60
SIFFSPLVVT GFYRSSYTVC FNSGP 85

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 434:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

LLIREINQVF PLIYDAIYFS GGLQSTPVGR CKPYLLQKAN TFVSEETQFW RGICSLYLKS60

KLSLMVNWLL IFLSTVFFFP L

81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 435:

- 5 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

20

YKSICLLEKI WFAPSNRCAL KAPTEIYCII DEGKDLVNFS YQKLVFRTSC PTWLPGAQGF60
FSEIVLRDPQ TCSPSPGATC ASSPRRQAVR SMRLS 95

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 436:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

SCAFLLLLWGH SGPTWASMDP GLEQAHLHLF HLRQCGSRCQ EGLTSGPSRF LCARNERP60
ILPPRLDPEV RAGQPSRKHT V 81

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 437:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

10

SRWNDSHPLL ISPLTSLKLL SSSKSHCQLP YVVLGPREPW NLAPWGGLIP AREHSCFSRD60
TVACMGQHGP WADHVHSCFS GDTVGPHGPA WTLG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 438:

15

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

HLEPHCLRWK RWRCACSSPG SMLAHVGPLC PQRSRNAHDQ PRVHAGPCRP LCPLRSRNAL60
VPELNHPRVP GSKAPWDPEP HTEVGNGSLM S 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 439:

(A) LÄNGE: 456 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

ITKTHKVDLG LPEKKKKKKV VKEPETRYSV LNDDYFADV SPLRATSPSK SVAHGQAPEM 60

PLVKKKKKKK KGVSTLCEEH VEPETTLPAR RTEKSPSLRK QVFGHLEFLS GEKKNKKSPL120
AMSHASGVKT SPDPRQGEER TRVGKKLKKH KKEKKGAQDP TAFSVQDPWF CEAREARDVG180
DTCVSGKKDE EQAALGQKRK RKSPREHNGK VKKKKKIHQE GDALPGHSPK SRSMESSPRK240
GSKKKPVKVE APEYIPISDD PKASAKKKMK SKKKVEQPVI EEPALKRKKK KERESGVAGD300
5 PWKEETDIDL EVVLEKKGNM DEAHIDQVRR KALQEEIDRE SGKTEASETR KWTGTQFGQW360
DTAGFENEDQ KLKFLRLMGG FKNLSPSFSR PASTIARPNM ALGKKAADSL QQNLQRDYDR420
AMSWKYSRGA GLGFSTAPNK IFYIDRNASK SVKLED 456

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 440:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

VRVCFLLPRV SCYPTLSLLL FLPPQSWLLD DWLLYLLFGL HLFLCGGLRV ITYGDVFRSL 60
NFDWLLFTSF PRAALHGPGG LGVAWEGISL LVDFFFLLHL PIVFSGALPL PFLPQGCLFL120
30 ILLPH 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 441:

(A) LÄNGE: 381 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

50 SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSFQGSPA120
TPLSLSEFFF LFRAGSSMTG CSTFFLDIF FFAEALGSSL MGYSGASTL TGFFLLPFLG180
LLSMDLEGLE WPGRASPSWW IFFFFFTFPL CSLGLFRFRF CPKAACSSSF FPTEQVSPTS240
LASLASQNG SWTEKAVGSW APFFSFLCFL SFLPTLVSSS PCLGSGEVFT PEAWDMARGD300
55 FLFFFSPLRN SKWPNTCFLR LGDFSURLAG SVVSGSTCSS QRVLTPEFFF FFFFTRGISG360

ACPWATLLEG DVALKGETSA K

381

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 442:

- 5 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

20 DHHNKLSLQS QTYIILLSVN GEKISPYVLW VKCCNRLGLS NLP

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 443:

- 25 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

40 MVISIFPPLL YKLIFTHLLL YKLTFINTNK RLVLSQFICH EPRNN

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 444:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

GKPKNCCDFE QGKLDNPNLL QHFTHKTYGL IFSPLTDSSI

40

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 445:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

GVGGGALRSA ALPWRTLPLT STCSRCTKPS TAEMEHLVQS WCLLNILMLQ THDFKWPLQR60
RSVNKSWNPL MMKCLQLI 78

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 446:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

RLRRRGWRSP FGGAPMAHIT INQYLQQVYE AIDSRDGASC AELVSFKHPH VANPRLQMAS 60
PEEKCCQVLE PPYDEMFAAH LRCTYAVGNH DFIEAYKCQT VIVQSFLRAF QAHKEENWAL120
LSCMQ 125

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 447:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

MSCKHFIIRG FQDLLTLLW RGHLKSWVCN MRMEKRHQLC TRCSISAVDG FVHLLQVLVN60
GNVRHGSAAE RRAPPPTPQA 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 448:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

RSRGFSCVQT PCHFREVTA CVISLWQQVG GLPQGRRWPE MCFRSLTHHS LHTRREHHSW60
SILRMEI 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 449:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

PITPYTHDVN TTPGAFSEWR FEFHVAASHT QTCHHSPH TH SRHSTAMSQK KFLVSDLKVL60

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 450:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

RATSGRSGFI KPSNLKQGTS FGSWLLNVVS GCVGNDGREV CEKLPHGIQI SILRMLQEW C60
SRRVCRE 67

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 451:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

SASHPESRLC RGGADMQAPR GTLVFALVIA LVPVGREPSS QGSQSALQTY ELGSENVKVP 60
50 IFEEDTPSVM EIEMEELDKW MNSMNRNADF ECLPTLKEEK ESNHNPSDSE S 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 452:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

EEWALEETAK GSCVYVDLKL IKFVSSSSSV GSLSRLPQGL LLENMSAIQ V

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 453:

20

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

FDSFSSFKVG KHSKSAFLFM LFIHLSSSSI SISITEGVSS SKIGTFTFSL PSSYVCKAL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 454:

40

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

5 PITTCSLGDP GKDKYTCTHR GRERCVQRIC INILFSHPDM RSQCCMMKRW YDSTYVPIVL 60
LFLYFLFRSF TIGRFQKHSF HHHLEMVCLN GDNSRSCSIS SRHGLLI 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 455:

10 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

•

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

25 RRGVSFLLSR QKWYHYVAAL QSPRARSLEN HLLSRFFFFL RVGVSLCCPK TRPGNCWGAK60
GIAPVPQASR VGR 73

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 456:

35 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

SWGNIVRLLP SKKKKNAKEG DSLESELWEI GERQHNDTIS AYLEGKKLLS FSCMVTVISS60
RKDISKE 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 457:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

15

DQPSLPFIRH KTLNLTSMAT KIIGSPETKW IDATSGIYNS EKSSNLSVTT DFSESLOSSN60
IESKEINGIH DESNAFESKA S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 458:

20

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

35

QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

40

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHFV SGEPIILVAI LVRLRVLCRI NGREGW

36

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHQST LFQVNL

36

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60
PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

10

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

15

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

TLNPHKTLA KKVRIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFELPE FSPFDTNSMH VSTFETQPNV ISVKSSLPLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60

SMLFYNCDSP GSLGAI

76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

20

NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- 25 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

40

HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWSLEG

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 45 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

IPLQRFSLLT SLFFVLKLDL LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKERKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWT A HSKLTRLAIC60
EYFSK 65

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTEP NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN

56

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

15

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRA GPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

20

- (A) LÄNGE: 399 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

40

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRREL PF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120
PGVTEVTIIE KP PAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHM TWSV KLDEHI IPLG180
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPT LADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWF LDRALY WHFLTDTFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300
YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FSKSNKIVIP KKKGPVQPAG360
GQKGPSGPSG PSTSSTSKSS SGSGETPPGK LRHPSFQFA 399

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 472:

50

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

10 RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVSFS RCGLLPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60
GPDPAAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 473:

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

30 KYVSHANISI YKWRTLTL LLS FSYKIPNFVI ILSGITLYCK NASYFTFKFD NVCDEL 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 474:

35 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

50 WIFRVCCISR EIHFYILFYY KHLDKGHLTH FKKHKCI 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 475:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

PKGLSIKVRRL NLDTRRKRCR LLNFIIHHIH CQI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 476:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNILSITL60
AYCYYYISSI YRQKGHFRNI

80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 477:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESEGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 478:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60
ENGSPGSDSW 70

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 479:

(A) LÄNGE: 400 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

50 PQQTPWAVAG RWCNGPSLHR NRAGLDLPTI DTGYDSQPQD VLGIRQLERP LPLTSVCYPQ 60
DLPRPLRSRE FPQFEPQRYP ACAQMLPPNL SPHAPWNYHY HCPGSPDHQV PYGHDYPRAA120
YQQVIQPALP GQPLPGASVR GLHPVQKVIL NYPSPWDQEE RPAQRDCSFP GLPRHQDQPH180
HQPPNRAGAP GESLECPAEL RPQVPQPPSP AAVPRPPSNP PARGLTKTSN LPEELRKVFI240
TYSMDTAMEV VKFVNFLLVN GFQTAIDIFE DRIRGIDIK WMERYLRDKT VMIIVAI SPK300
YKQDVEGAES QLDEDEHGLH TKYIHRMMQI EFIKQGS MNF RFIPVLFPNA KKEHVPTWLQ360

NTHVYSWPKN KKNILLRLLR EEEYVAPPRG PLPTLQVVPL

400

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 480:

- 5 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

20

SSSGWRVARG SRHSSWGRR L GNLWSQLCRA LQGLPRSTSS IRWLVMWLVL VPWKPRKGAV 60
SLCGPLFLVP GAGIIQDNLL HRVQASHTGS RQGLPRQSRL DHLLVGCSR VMAIWHLVIG120
TSRTMVMIVP WSMWGKIGRQ HLCTCWIPLR FKLRELPGE RSGEVLGVTH GGEGQGPFQL180
PDAQDILGLG IISRVYGWQI QACSVPVQAG AVAPSPCYRP RSLLR 225

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 481:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

45 KQRMQSSHRL HFKARVCGGL RGRALHNRFP GGQRASRGGT EKNQPGVLPT SLSQNAVRTR 60
PQTWPGLSDL GMNGVTREPP EGWAEAPVEE PHTLPLSAAA AGCFFYSWAS CRHECSEARW120
AHAPS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 482:

- 50 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

VAMTAKDCSI MIALSPCLQD ASSDQRPVVP SSRSRFAFSV SVLDLDLKP Y ESIPHQYKLD60
GKIVNYYSKT VRAKDNAVMS TRFKESEDCT LVLHKV 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 483:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

LHCLPVC RMP ALIKGLWSLH RGPGLPFPCL CWTLTSSPTR AFPISINWTA RSSTIIQRL Y60
VPK TTP 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 484:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

NKAFRIRES D MSPGWERRTI QNVFPGLNGH FHFKSVSSFL GHSTHFLHSL SRKLEFLVLFN 60
SMSPRGNPTS KGVKSKNIHN QRSPNTTENI SIIQPSHYVQ VSKTLQGKS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 485:

5

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

CSSIPCLQEA IPPQKGLKAK TFTTKGHPTQ QKISLSFSLH IMFKFQRHCR ERVRPCGELM60
CNLRFP 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 486:

30

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

45

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 487:

50

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

15

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRREL PF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLTDTFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300
YGISPQAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FSKSNKIVIP KKKGPVQPAG360
GQKGPSGPGSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 488:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

40

RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60
GDPASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 489:

45

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

LAAGRGKEEE MGFEDHGLPF LPLTHHTFPF PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ QGFSPYQREM 60
WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSPOVT KINICIYNLY120
YCYIFVDNTE RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SC 152

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 490:

15 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

30 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 491:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

KWGTQRAGNF HYPILGLNLK EYIHYQELST KAGVKLHYTW LFTIPGSPPQ HDCGRPKDIP60
RFRL 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 492:

5

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

RFTASRVGNE PDINTPSSMP CPPSGPVPVK AGSHFSHPQA VPKALEEPKE RQEPSWELTL60
MTRGQLAQFP LFSWGEGTL - 79

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 493:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

45

KSSPDPARHY GSPPEGERRG KRSVPKVNPR SLGPTSLPTA TSHQPHARAR PFPLQLTAQQ 60
MLGQNASPHL TKGLQPAGWE MNQILTTPPP CPAHLLGQYQ 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 494:

50

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KGSLPPTKQG KLGQLAPGHQ GQLPTWLLPF LGFFQGFNS LGVGEVASCL HWYWPRRWAG60
HGGGVNIWF ISHPAGCKPL VK 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 495:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

35

RVPSPQLNKG NWANWPLVIK VNSQLGSCLS LGSSRALGTA WGWEKWLPAF TGTGPEGGQG60
MEEGVLISS FPTLLAVNL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 496:

40

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

IQKVQYYTSP AAFVNGSLHS HWGTTVCMGR NSKCPHCGHW VGSAFCQGVC RNWLISVCQS60
DQHTKVSIAK NVASLHPPSC YSGPSNLM 88

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 497:

- 10 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

25 SHTSEKRRGT REEVTPASRS SISGVKRGTV ALPSWLRMK SFLQWEEIHF SIPVQSDFMG60
PVLNSDCIIN TIKRDSEMGs RIHWDNSKAY NTALMDPT 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 498:

- 30 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

45 AGYTPVSSTI RQLHQITGPR VTGWRMQGSH ILYGRDFGVL ITLAYRNKPI PADSLTKGTP60
HPMTTMRALA VSAHAHSCTP MAV 83

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 499:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

15

GKICEYVNFL SLRDDRMPFY FSCKENNILT YTSCRKYHLF PLYYSTMFTL LYCQAESIKN60
VHIHFELCIL FLKKGAGLWH WAGHD 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 500:

20

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

SYRLKGIGKC VFSRDHVESE QCWQTLPRKS CFSRCPCFGI SFLGRKKKSS LTIVNSISYF60
SFCCSNGFPP TIIPSIYVLL YSPLSPVTEL SNTPEPKF 98

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 501:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

5

VSSCTSNHGV RSSLSSGEHK CTERDVL RVT TKELPSLSLT QAMCTCDAAE CAGVGGGHVA60
PPEHFLTGKL GDPLL VNFVE IRTVSFT 87

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 502:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

TPKTLGCLLV SRVEQAQRES LGPELKEFIE PWQTGSKQPI LAAVLRRECG GQI 53

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 503:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

PSGPFSSLES TLLLQQVQAA IASFLSDCNS PIRFPCFYIC PPHSLNTAA RMGCLLPVCH60
50 GSINSLSSGP KDSRWACSTR DTSRQPSVLG V 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 504:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

VFIYDSLIIIP TSISSVHTVC QMFHAEPVSR ILLSDYGGFT TRPGSNLSLGS KVGHSSMHR 59

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 505:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 505:

DRKEFVNQKID PVFSYIQSST SEFLFLNIGV LALFLKDALY LKRKLDERTG CGAVKYFRPR60
SVYTFYRRNE VL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 506:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

SILGPGLCTH FIEEMKYSEV FWLPFHFNVCV LNLSHDHTYIV LLGAVVSFIK PLACVQKFLK 60
GNTSNAYPLL ACYAACTAI AVCFTVFVKI PLSPFLVTGK AC 102

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 507:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

30

NNEHKMLFII TSICEISYCK TTTGLLLNSL VIVFRLEMPP TLVINITKYN VELGRHFIKC60
IMPWLLLR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 508:

35

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

50

LKFLQVLKFF FYSLHWIYVF LIPNMFNWDV CHSRAARQTF KSNSHTAELA FLLTQKFRKL60
TVTVT 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 509:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

20 GPRAHWPLPN TMLEPKRANM GPEYNGDIFM FQPFNLTCLL LSFPPISSNL FCLTIYYLLG60
ITSSYRIPSS LMSCPQY 78

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 510:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

45 SLKLLGFLDV ENTPCARHSI LYGSLGSVVA GFGHFLETSE YLYFLFLYVL KKAFLYIMNY60
FFF 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 511:

- 50 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

SFVKWSPNLK LGNYEEEEKIA RYLLRSACRS AVGLVTIGSK VLLQWQILWP LSG

53

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 512:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

ICCRACHHWK QGPTSVADLV AFEWLKTTTL HRAGAMHRHP SLP

43

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 513:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

QALQQIYRQT LTDTGQFSLR RNFLVLSWVT ILQNFTT

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 514:

5

- (A) LÄNGE: 228 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

TGGARARRPL SAVARPARSS DPLRSAPLGP APPVNMIRCG LACERCRWIL PLLLLSAIAF 60
DIIALAGRGW LQSSDHGQTS SLWWKCSQEG GSGSYEEGC QSLMEYAWGR AAAAMLFCGF120
IILVICFILS FFALCGPQML VFLRVIGLL ALAAVFQIIS LVIYPVKYTQ TFTLHANRAV180
25 TYIYNWAYGF GWAATIILIG CAFFFCCLPN YEDDLLGNAK PRYFYTSA 228

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 515:

30

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

45

DPLPPPSWEH FHHSEDVWPW SLDCNQPRPA SAMMSKAMAL SRSRGRIQRQ RSQARPQRIM60
LTGGAGPSGA ERSGSEERAG RATAESGLRA RAPP 94

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 516:

- (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15 TLPKNGFKVA WRNSFFFWSP SQQQRFSPTE IPKLGRCVEV PGLGIAQKVI FVVGEAAEEE 60
GTADQDNRG C PPKAVGPVID VSDSTVGMKG EGLGVLHGVN YQGDDLEHSS QGKETS NHSQ120
EDKHLGSTEG EEGEDETDHQ DDEATEEHGS RCSTPRVLHE ALTALLVGPA AAALLGAFPP180
QRGRLAVVAR LQPAAAGQRD DVEGDGAE 208

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 517:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40 PSCPPEMKKE LPVDSC LPRS LELHPQKMDP KRQHIQLLSS LTECLTV DPL SASVWRQLYP 60
KHL SQSSLL EHLSSWEQI PPKVQKSLQE TIQSLKLTNQ ELLRKGSSNN QDVVTCDMAC120
KGLLQQVQGP RLPWTRLLLL LLVFAVGFLC HDLRSHSSFQ ASLTGRLLRS SGFLPASQQA180
CSKFTPTVCK VTGWLGEKCR FGVP 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 518:

45

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

PEVMAQEAYS EDQQQQEPR PGQPRTLNLL QQALAGHVTG DDILVVTATL PQQLLVGKLE60
GLNGFLQRL L YLLGNLLPGA EQVLQOKAGL 90

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 519:

15 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

30

GTPKRHFSPN QPVT LQTVGV NLEHACWLAG KKPDDRSNRP VREAWKELCD RRSWHRKPTA60
KTSSNRRSRV QGSRGP 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 520:

40 (A) LÄNGE: 355 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

FRHSMNGCEK DSSSTDSANE KPALIPREKK ISILEEPSKA LRGV TGP NIE KSVKDLQRCT 60

VSLTRYRVM I KEEVDSSVKK IKAFAELHN CIIDKEVSLM AEMDKVKEEA MEILTARQKK120
AEELKRLTDL ASQMAEMQLA ELRAEIKHFV SERKYDEELG KAARFSCDIE QLKAQIMLCG180
EITHPKNNYS SRTPCSSLLP LLNAHAATSG KQSNFSRKSS THNKPSEGKA ANPKMVSSLP240
STADPSHQTM PANKQNGSSN QRRRFNPQYH NNRLNGPAKS QGSGNEAEPL GKGNSRHEHR300
5 RQPHNGFRPK NKGGAQNQEA SLGMKTPEAP AHSEKPRRRQ ARCRTPREGQ GPFRG 355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 521:

10 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 NQNVKNRGTO KKCLPSVEKL PNPPWGQKNA TVKTPNRKLT PERPLALPRC PAACLPSPGL 60
FRMGRGLGGL HPQGSLLIFG TAFVFGPEAV VRLSSVFVAA VALSQWLGEI PTALRLGRPI120

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 522:

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

50 RAVRISMASS LTLISASINE TSLSMQLCN SAKAALIFFT ELSTSSLIMT RYLVRETVQR 60
CKSFTDFSIF GPVTPRSAGE GSSSIEIFFS RGIRAGFSLA ESVDLSFSQ PFMLCR 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 523:

55

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVS VG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP 130

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 524:

25

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

40

ISANKSWQKI HKEKHHHIEK DEKPEVQPVG VFGKPICPRL RPHIEVLPPS LAKASPLPET60
ISTINTRCVH LHLAPAAS 78

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 525:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

GLTSKFCLPP SLKPRRSRRP SRPSTPGAST SISLLQLRNN PRNRKCLSSR TLVFAAPETE60
RSPAACAVRR APGSGMHSEP TLPSAQAPGS AFRCL 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 526:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

SLNSTFSVLP QKFPQFQQHR AVYNSFSEFPG QAARYPWMAF PRNSIMHLNH TANPTSNSNF 60
LDLNLPPQHN TGLGGIPVAG EEEVKVSTMP LSTSSHSLQQ GQPTSLHTT VA 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 527:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

RFRPCHCQPL PIHYNKDSSL QVSTLLWPDN RTERRGLDSG VLAWATGFLH DSFMILLMY60
TPRRANINVP HA 72

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 528:

10

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

25

RNHAKIQLPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSGMV ETFTSSSPAT 60
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWFK CMMLLRGKAI QG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 531:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1708 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 531

CCTGGAAACA AGATCCAAAC CCAAGTGACC CCGCCGAAA GTGACCCAGT CAGGTTTAAA 60
AATTCCAACA AACCGACGTG AACAAATAGA CCGACCAACC AAATATACAA TCCGTCAAAA 120

TACATTCACT TCCACTACGA AACCCCAACA AAGGGTGTGA ATGCCCCGCC AGGAGAGACG 180
GTTTTGGTTT CATCAAGTGT GTGGATCGTG ATGTTTCGTAT GTTCTTCCAC TTCAGTGAAA 240
TTCTGGATGG GAACCAGCTC CATATTGCAG ATGAAGTAGA GTTTACTGTG GTTCCTGATA 300
TGCTCTCTGC TCAAAGAAAT CATGCTATTA GGATTAAAAA ACTTCCCAAG GGCACGGTTT 360
5 CATTTTCATTC CCATTCAGAT CACCGTTTTT TGGGCACGGT AGAAAAAGAA GCCACTTTTT 420
CCAATCCTAA AACCCTAGC CCAAATAAAG GCAAAGAGAA GGAGGCTGAG GATGGCATT 480
TTGCTTATGA TGACTGTGGG GTGAAACTGA CTATTGCTTT TCAAGCCAAG GATGTGGAAG 540
GATCTACTTC TCCTCAAATA GGAGATAAGG TTGAATTTAG TATTAGTGAC AAACAGAGGC 600
CTGGACAGCA GGTGCAACT TGTGTGCGAC TTTTAGGTCG TAATTCTAAC TCCAAGAGGC 660
10 TCTTGGGTTA TGTGGCAACT CTGAAGGATA ATTTTGGATT TATTGAAACA GCCAATCATG 720
ATAAGGAAAT CTTTTTCCAT TACAGTGAGT TCTCTGGTGA TGTGATAGC CTGGAAGTGG 780
GGGACATGGT CGAGTATAGC TTGTCCAAAG GCAAAGGCAA CAAAGTCAGT GCAGAAAAAG 840
TGAACAAAAC AACTCAGTG AATGGCATT CTGAGGAAGC TGATCCCACC ATTTACTCTG 900
GCAAAGTAAT TCGCCCCCTG AGGAGTGTTG ATCCAACACA GACTGAGTAC CAAGGAATGA 960
15 TTGAGATTGT GGAGGAGGGC GATATGAAAG GTGAGGTCTA TCCATTGTCG ATCGTTGGGA 1020
TGGCCAACAA AGGGGATTGC CTGCAGAAAG GGGAGAGCGT CAAGTTCCAA TTGTGTGTCC 1080
TGGGCCAAAA TGCACAACT ATGGCTTACA ACATCACACC CCTGCGCAGG GCCACAGTGG 1140
AATGTGTGAA AGATCAGTTT GGCTTCATTA ACTATGAAGT AGGAGATAGC AAGAAGCTCT 1200
TTTTCCATGT GAAAGAAGTT CAGGATGGCA TTGAGCTACA GGCAGGAGAT GAGGTGGAGT 1260
20 TCTCAGTGAT TCTTAATCAG CGCACTGGCA AGTGCAGCGC CTGTAATGTT TGGCGAGTCT 1320
GTGAGGGCCC CAAGGCTGTT GCAGCTCCTC GACCTGATCG GTTGGTCAAT CGCTTGAAGA 1380
ATATCACTCT GGATGATGCC AGTGCTCCTC GCCTAATGGT TCTTCGTCAG CCAAGGGGAC 1440
CAGATAACTC AATGGGGTTT GGTGCAGAAA GAAAGATCCG TCAAGCTGGT GTCATTGACT 1500
AACCACATCC ACAAAGCACA CCATTAATCC ACTATGATCA AGTTGGGGGG AATCTGGTGA 1560
25 AGGGTTCTGA ATATCTCCCT CTTTCATCCCT CCCGAAATCT GGAATACTTA TTCTATTGAG 1620
CTATTACACC AGTTTAAACA CCTTCCTCGT GTTATGTTTA AAAAAATAAA TAAATTTAAG 1680
- AAAACCATT TAAATAATGA AAAGTTGG 1708-

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 532:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2128 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 532

55

CTGTATCCTA ATTTCTTGGT GAATGAACTC ATTCTTAAAC AGAAGCAAAG ATTTGAGGAA 60
AAGAGGTTCA AATTGGACCA CTCAGTGAGT AGCACCAATG GCCACAGGTG GCAGATATTT 120
CAAGATTGGT TGGGAACTGA CCAAGATAAC CTTGATTTGG CCAATGTCAA TCTTATGTTG 180
GAGTTACTAG TGCAGAAGAA GAAACAACCTG GAAGCAGAAT CACATGCAGC CCAACTACAG 240
ATTCTTATGG AATTCCTCAA GGTGCAAGA AGAAATAAGA GAGAGCAACT GGAACAGATC 300
CAGAAGGAGC TAAGTGTTTT GGAAGAGGAT ATTAAGAGAG TGGAAGAAAT GAGTGGCTTA 360

TACTCTCCTG TCAGTGAGGA TAGCACAGTG CCTCAATTTG AAGCTCCTTC TCCATCACAC 420
AGTAGTATTA TTGATTCCAC AGAATACAGC CAACCTCCAG GTTTCAGTGG CAGTTCTCAG 480
ACAAAGAAAC AGCCTTGGTA TAATAGCACG TTAGCATCAA GACGAAAACG ACTTACTGCT 540
CATTTTGAAG ACTTGGAGCA GTGTTACTTT TCTACAAGGA TGTCTCGTAT CTCAGATGAC 600
5 AGTCGAACTG CAAGCCAGTT GGATGAATTT CAGGAATGCT TGTCCAAGTT TACTCGATAT 660
AATTCAGTAC GACCTTTAGC CACATTGTCA TATGCTAGTG ATCTCTATAA TGGTTCCAGT 720
ATAGTCTCTA GTATTGAATT TGACCGGGAT TGTGACTATT TTGCGATTGC TGGAGTTACA 780
AAGAAGATTA AAGTCTATGA ATATGACACT GTCATCCAGG ATGCAGTGGA TATTCATTAC 840
CCTGAGAATG AAATGACCTG CAATTCGAAA ATCAGCTGTA TCAGTTGGAG TAGTTACCAT 900
10 AAGAACCTGT TAGCTAGCAG TGATTATGAA GGCAGTGTTA TTTTATGGGA TGGATTCACA 960
GGACAGAGGT CAAAGGTCTA TCAGGAGCAT GAGAAGAGGT GTTGGAGTGT TGACTTTAAT1020
TTGATGGATC CTAAACTCTT GGCTTCAGGT TCTGATGATG CAAAAGTGAA GCTGTGGTCT1080
ACCAATCTAG ACAACTCAGT GGCAAGCATT GAGGCAAAGG CTAATGTGTG CTGTGTTAAA1140
TTCAGCCCCT CTTCCAGATA CCATTTGGCT TTCGGCTGTG CAGATCACTG TGTCCACTAC1200
15 TATGATCTTC GTAACACTAA ACAGCCAATC ATGGTATTCA AAGGACACCG TAAAGCAGTC1260
TCTTATGCAA AGTTTGTGAG TGGTGAGGAA ATTGTCTCTG CCTCAACAGA CAGTCAGCTA1320
AAACTGTGGA ATGTAGGGAA ACCATACTGC CTACGTTCTT TCAAGGGTCA TATCAATGAA1380
AAAAACTTTG TAGGCCTGGC TTCCAATGGA GATTATATAG CTTGTGGAAG TGAAAATAAC1440
TCTCTCTACC TGTACTATAA AGGACTTTCT AAGACTTTGC TAACTTTTAA GTTTGATACA1500
20 GTCAAAAGTG TTCTCGACAA AGACCGAAAA GAAGATGATA CAAATGAATT TGTTAGTGCT1560
GTGTGCTGGA GGGCACTACC AGATGGGGAG TCCAATGTGC TGATTGCTGC TAACAGTCAG1620
GGTACAATTA AGGTGCTAGA ATTGGTATGA AGGGTTAACT CAAGTCAAAT TGTACTTGAT1680
CCTGCTGAAA TACATCTGCA GCTGACAATG AGAGAAGAAA CAGAAAATGT CATGTGATGT1740
CTCTCCCCAA AGTCATCATG GGTTTTGGAT TTGTTTTGAA TATTTTTTTC TTTTTTCTT1800
25 TTCCCTCCTT TATGACCTTT GGGACATTGG GAATACCCAG CCAACTCTCC ACCATCAATG1860
TAACTCCATG GACATTGCTG CTCTTGGTGG TGTTATCTAA TTTTGTGAT AGGGAAACAA1920
ATTCTTTTGA ATAAAAATAA ATAACAAAAC AATAAAAGTT TATTGAGCCA CAAAAAATAA1980
AAAAAATAAA AAAAAAATAA ACAAAGAGA AAACAAAGGT TACGAAGTAG CATATGTGAA2040
CTATAATGTA ACAGTGAATA ATTTGTAAAG TTCGTATTTT CCAACCTCTT TGGGAATTAC2100
30 ACATATCAAT ATAAACAAAA TATAAAGT 2128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 533:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 533

55

CTAGCAAGCA GGTAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA AACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120
CCTGGAAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180

GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTT 240
AAACTTGTCA GTCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCCAGC ACACCCTCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTTCT CCCTGCTTCT CTTCTGTCAC 420
5 CCCCCTCCT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAACT AAAGCACCAG CATTTGAAGA AAAAGGCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
10 ACCAGATCCA GGTTCCTAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
AAGAGTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATACCTT 960
CTAGGTTAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT 1020
15 TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGAAAAAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT 1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG 1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC 1200
CGATGGCCTG GCACCAGTTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAACTC 1260
TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCTACAAC 1320
20 CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AAACCTTCAA GAAAGGATAA AGATTAAAC 1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATAACAAT ATGGGCAATG GTCTTTCAGA 1440
GGAAAGGGGA AACAACCTCA ATCACATCAG TCCCATTCCT CCAGTGCCTC ATCCCCGATC 1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCCGCAA AAAAGGCTAA TGACTCCTTG 1560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCACCCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCCC 1620
25 CAGAGAGACA ATATTTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA 1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA 1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA GCAGGAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA 1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA 1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA 1920
30 GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAA AGATCAGAAG CTAGTCCTCA 1980
TGAAAACACA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA 2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACCTG GAGATGGGAC 2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT 2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAATAAGAA GCATTTGCAA 2220
35 ATTTCTCTTC TGGATATTTT GTTTATTTT TCTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG 2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAAATT CCCAAAAGC 2340
TGGGGAAAC AAATGTGTAA CTTTTCCAGT TACTTGACAC GATTGAGTGG GGGAAAACCA 2400
GCATTTTTTA TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT 2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAAGTGG CATTGTAATT TTGATGATAC 2520
40 AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CCTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA 2580
AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA 2640

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 534:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1245 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 534

TGCAGCGCGT GCGTGCTGCG CTACTGAGCA GCGCCATGGA GGACTCTGAA GCACTGGGCT 60
TCGAACACAT GGGCCTCGAT CCCC GGCTCC TTCAGGCTGT CACCGATCTG GGCTGGTCGC 120
10 GACCTACGCT GATCCAGGAG AAGGCCATCC CACTGGCCCT AGAAGGGAAG GACCTCCTGG 180
CTCGGGCCCG CACGGGCTCC GGGGAAGACGG CCGCTTATGC TATTCCGATG CTGCAGCTGT 240
TGCTCCATAG GAAGGCGACA GGTCCGGTGG TAGAACAGGC AGTGAGAGGC CTTGTTCTTG 300
TTCCTACCAA GGAGCTGGCA CGGCAAGCAC AGTCCATGAT TCAGCAGCTG GCTACCTACT 360
GTGCTCGGGA TGTCCGAGTG GCCAATGTCT CAGCTGCTGA AGACTCAGTC TCTCAGAGAG 420
15 CTGTGCTGAT GGAGAAGCCA GATGTGGTAG TAGGGACCCC ATCTCGCATA TTAAGCCACT 480
TGCAGCAAGA CAGCCTGAAA CTTCTGACT CCCTGGAGCT TTTGGTGGTG GACGAAGCTG 540
ACCTTCTTTT TTCCTTTGGC TTTGAAGAAG AGCTCAAGAG TCTCCTCTAG TCACTTGCCC 600
CGGATTTACC AGGCTTTTCT CATGTCAGCT ACTTTTAACG AGGACGTACA AGCACTCAAG 660
GAGCTGATAT TACATAACCC GGTTACCCTT AAGTTACAGG AGTCCCAGCT GCCTGGGCCA 720
20 GACCAGTTAC AGCAGTTTCA GGTGGTCTGT GAGACTGAGG AAGACAAATT CCTCCTGCTG 780
TATGCCCTGC TCAAGCTGTC ATTGATTCTG GGCAAGTCTC TGCTCTTTGT CAACACTCTA 840
GAACGGAGTT ACCGGCTACG CCTGTTCTTG GAACAGTTCA GCATCCCCAC CTGTGTGCTC 900
AATGGAGAGC TTCCACTGCG CTCCAGGTGC CACATCATCT CACAGTTCAA CCAAGGCTTC 960
TACGACTGTG TCATAGCAAC TGATGCTGAA GTCCTGGGGG CCCCACGTCA ACGGGCAATG1020
25 CGACCCCGGC GACGAGCCAA AACGGGGACA ATGGCCTCTC GATTCCTGGA ACGCACGGTC1080
GTGGCCCTGG GGCCTAGAC CTTCCACCAT CGTGTCTGCA TGTGCTCAAC TTTTGATCTT1140
CCCCCCAAC CCCTGAGGCC TAACATCCAT CGAGCTTGGC AGGACAGCAA CGCGCTAACA1200
ACCCAGGGCA TAGGTCTTAA CCTTTGGTGC TTTCCACGG AGGCG 1245

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 535:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 822 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 535

AAGATCGGTC TTTGTCCTTA TCCTTATCCT TATTCTAATG GCAGTTAGAT GCNNTTCTTT 60
55 AGAGGGGGCA ATGAGACAGC CAGGTGGGAA GGGGTCCCCA GAGAAACTCC AGCCTGCACA120
CTGGGAGGAG TGTGCACTGG GGTGAAGCCA CCGGAAGTTT GCGCCATCTC CAGTGGGGAA180

GAGCCCAGCC CCTCCTCTTC CTGGGTGGGA AACTGCGATT CAAACTGCCA GGTGGGAAGT240
CCATGGGCAG GAAACAGGCT CTCGNTTTGC TAAGAGTCTC TGTTTCCCCC TTTTTCCTT300
TATGCCTAAT TAATAAATTC CATTTTCTC ACCCTTCAA CAGCCTGTGA GCCTAAATTT360
TTGTGGCCAT GGGACAGACA AGGACCCCGT CTTAGCTGA ACTAAGGAGA AAGTCCCCAA420
5 ACAATGGGAA GAAAGGCAGG GAGTAGACAT CCAATTTCTT GCGTGGATT GTGGAGGGGT480
ACCATGGTTC TGACCAGATG TGTATCAGGA GCTGTGTTGC AGGAAGTCTC AGGAATGAAG540
TTGATAGCTT TCTTTCCATC ACATGATGAC TGAAAAGACG AAGGCATCTA ATGAGTTAGA600
GTCACACCAT CTCATGCCTG TATACTATCA AACAACTTTT GGGAAGCTAG CCTTGGTTGG660
GAAAACATCA TTTCTTAACT GAATGCCTGG ATGCAAGCAA AGTCTCATTC TTGATCATGA720
10 TGAGGTTTAC CATGTCTTCT TGACAGGATC CTGCAACAA ACCCACAATT GCTACTATGA780
CATGCAACTC CATGGTTAAT TCCTTGGATA GCAAATAGCT CG 822

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 536:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2703 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 536

AGTTCGGCAC AGGGGGAGGA ACCTGGCCCT GGGAGGAGGC TGTTGCGTGC TCCTAGAGAA 60
TCCCGTTCTG AAGGGAAGAG CATGTTTGCG GCGTCCCCA CCATGCGTGA GAGCTCCCCC 120
AAACAGTACA TGCAGCTCGG AGGCAGGGTC TTGCTGGTTC TGATGTTTAT GACCCTCCTT 180
40 CACTTTGACG CCAGCTTCTT TTCTATTGTC CAGAACATCG TGGNGCACAN GCTCTGATGA 240
TTTTNAGTGG CCATTGGTTT TAAAACCAAG CTGGCTGCTT TGAATCTTGT TGTGTGGCTC 300
TTTGCCATCA ACGTATATTT CAACGCCTTC TGGACCATTC CAGTCTACAA NGCCCATGCA 360
TGACTTCCNT GAAATACGAC NTTCTTCCAG ACCATGTCGG TGATTGGGGG CTTGCTCCTG 420
GNTGGNTGGC CCTGGGCCCT NGGGGGTGTC TCCATGGATG AGAAGAAGAA GGAGTGGTAA 480
45 CAGTCACAGA TCCCTACCTG CCTGGCNTNA AGACCCNGTN GGCCGTCAAG GNACTGGNTT 540
CNGGGGTGGA TTCAACNAAA ANCTGNCCAG CTTTNNATGT ATCCTCTTCC CTTCCCTCC 600
CTTGGTAAAG GCACAGATGT TTTGAGAANC TTTATTTGCA GAGACACCTG AGAATNCAT 660
GGNCTCAGTC TGCTCTGGAG CCACAGTCTG GCGTCTGACC CTTAGTNGC AGGCCNAGCC 720
TGGCANGCTG GNAAGCCNTC CCCNACGCC GAGGCTTTNG GNAGTGAANC AGNCCCGCTT 780
50 NGGNCTGTGG CATCNTCAGT CCNTATTTTT GAGTTTTTTT GTGGGGGTAN NCAGGAGGGG 840
GCCTTCAAGC TGTAATGTGA NGCAGACGCA NTTGGTATTA TCATTCAAAG CAGTCTCCCT 900
CTTNATTTGT AAGTTTNACA TTTTNNAGC GGAACTACT AAATTATTTT GGGNTGGTTC 960
AGCCAAACCT CAAAACAGTT AATCTCCNT GGNTTTNAAA ATCACACCAG TGGNCTTTNG1020
ATGTTGTTTC TGCCCCGCAT TNGTATTTTA TAGGNNATA GTGAAAACAT TTAGGNNACA1080
55 CCCAANAGAA TGATNGCAGT ATTAAAGGGG TGGTAGAAGC TGCTGTTTAT GATAAAAGTC1140
ATCGGTCAGA AAATCAGCTT GGATTNGGTG CCAAGTGNNN TTTTATTGGG TAACACCCTG1200
GGAGTTTTAG TAGCTTGAGG CAAGGTGGAG GGGCAAGAAG TCCTTGGGGA AGCTGCTGGT1260
CTGGGTNGCT NGCTGGCCTC CAAGCTGGCA GTGGGAAGGG CTAGTGNAGA CCACACANGG1320

GGTAGCCCCN AGCAGCAGCA CCCTGCAANG CCAGCCNTGG CCNAGCTNNG CTCNAGACCA1380
GCNTTNGCAG ANGCCGCAGN CCGCTGTNNG GGCANGGGGG TGTNGGCAGG AGCTCCCNAG1440
CACTNGGNAG ACCCACGGAC NTCAACCCAG TTNACCTCAC ATGGGGCCNT TTTCNTGAGC1500
AAGGTCTNCG AAAGCGCAGG CCGCCCTGGN CTGAGCAGCA CCGCCCTTTC CCAGCTGCAC1560
5 TCGCCCTGTG GACAGCCCCG ACACACCANC TTTCCTNGAG GCTGTCGCTC ACTCAGATTG1620
TCCGTTTGCT ATGCCGAATG CAGCCAAAAN TTCCTTTTTC CAATTTGTGA TGCCTTACCG1680
ATTTGATCTT AATCCTGTAT TTAAAGTTTT CTAACACTGN NCCTTAAACT GTGTTTCTCT1740
TTTTGGGGGA GCTTAACTGC TTGTTGCTCC CTGTCGCTCN GCACCATAGT AAATGCCACA1800
AGGGTAGTCG AACACCTCTC TGGCCCCTAG ACCTATCTGG GGACAGGCTG GCTCAGNCTG1860
10 TCTNCCANGG GCTGCTGCGG CCCAGCCCCG AGCCTGCCTC CCTCTTGGNC CTCTCATCCA1920
TTGGNCTCTG CAGGGCANGG GGTGAGGCAG GTTCTNNGCN TCATAAGTGC TTTTNGGAAG1980
TCACCTACCT TTTTAACACA GCCGAAC TAN GTCCCAACGC GNTTTGCAAA TATCCCCTN2040
GGTAGCCTAC TTNCCTTANC CCCC GAANTA TTGGTAAGAT CGAGCAATGG NNCTTCAGGA2100
NCATNGGGTT CTCTTCTCCT GTGATCATTN CAAGTGCTCA CTGCNATNGA ANGACTNGGC2160
15 TTGNTCNTCA GTGTTTCNAA CCTNCACCAG GGCNTGTCTC TTGGTCCACN ACCTCGCTCC2220
CTGTTAGTGC CGTATGACAG CCCCCNATCN AAATGACCTT GGCCNAAGTN CACNGGTTTC2280
TCTGTGGTNC AAGGTTGGTT GGCTGATTGG TGGAANGTN AGGGTGNGAC CNAAANGGAG2340
GNCCACGTGA NGCAGNTCNA GCACCANNGT TNCTGCANCC AGCAGCNGCC TCCGTNCCTA2400
GTGGGTGTTN CCTNGTTTCN TNCCTGGCCC NTGGGTNGGG CTNAGGGNCC TGATTGCGGN2460
20 AANGATGCCT TTGNCANGGG AGGGGAGGAN TAAGTGGGAT CTACCNAANT TNGATTCTGG2520
CAAAACAANT TTCTAAGANT TTTTTTGCTT TATGTGGGNA AACAGATCTA AATCTCATTT2580
TATGCTGTAT TTTATATCNT TNAGTTGTGT TTGAAAACNG TTTNTGATTT TTGGAAACAC2640
ATCAAAATAA ATAATGGCGT TTGTTGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA2700
AAA 2703

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 537:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2664 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 537

CTCCCAGGGA GTGCTGAGTA GTGATGGTGT CTGGAGGGTC AAATCCATTC CCAATGGCAA 60
AGGTTCTCA CCACTCCCCA CCGCTACAAC TCCAAAACCA CTTATCCCTA CAGAGGCCAG 120
CATCAGGGTC TGGGGCACGA GCGGCACGAG CCATCTCCAT CCCC GGAGCA TCTGTATGAT 180
TCAGAAGTAC AACCACGATG GGAAGCAGG TCGGCTGGAG GCTTTTAGCC AAGGGGAAAG 240
TGTCCTAAAG GAACCAAGT ACCAGGAAGA GCTGGAGGAC AGGCTGCATT TCTACGTGGA 300
55 GGAATGTGAC TACTTGCAGG GCTTCCAGAT CCTGTGTGAC CTGCACGATG GCTTCTCTGG 360
GGTAGGCGCG AAGGCGGCAG AGCTGCTACA AGATGAATAT TCAGGGCGGG GAATAATAAC 420
CTGGGGCCTG CTACCTGGTC CCTACCATCG TGGGGAGGCC CAGAGAAACA TCTATCGTCT 480
ATTAAACACA GCTTTTGGTC TCGTGACCT GACTGCTCAC AGCTCTCTTG TCTGCCCCTT 540

5 GTCCTTGGGT GGGAGCCTGG GCCTGCGACC CGAGCCACCT GTCAGCTTCC CTTACCTGCA 600
TTATGATGCC ACTCTGCCCT TCCACTGCAG TGCCATCCTG GCTACAGCCC TGGACACAGT 660
CACTGTTCTT TATCGCCTGT GTTCCTCTCC AGTTTCCATG GTTCATCTGG CTGACATGCT 720
GAGCTTCTGT GGGAAAAAGG TGGTGACAGC AGGAGCAATC ATCCCTTTCC CCTTGGCTCC 780
AGGCCAGTCC CTTCTGATT CCCTGATGCA GTTTGGAGGA GCCACCCCAT GGACCCCACT 840
GTCTGCATGT GGGGAGCCTT CTGGAACACG TTGCTTTGCC CAGTCAGTGG TGCTGAGGGG 900
GTATAGACAG AGCATGCCAC ACAAGCCACA GAACCAAAGG GACACCTCCA CCCTCTGCCC 960
TTCATGCATG TACCACTGGG GAAGAAATCT TGGCTCAGTA TTTACAACAG CAGCAGCCTG1020
GAGTCATGAG TTCTTCCCAT CTGCTGCTGA CTCCCTGCAG GGTGGCTCCT CCTTACCCCC1080
10 ACCTCTTCTC AAGCTGCAGT CCACCGGGTA TGGTTCTGGA TGGTTCCCCC AAGGGAGCAG1140
GTCCTCTGTT TCCCTCTCCC TTCCACAGCA GTGGAGAGCA TCCAGTGTT TGGGGCACTG1200
TGTTCTCTT CGTCCCTGCA CCAGACCCTG GAAGCCTTGG CCAGAGACCT CACCAAACCTC1260
GACTTGCGGC GCTGGGCCAG CTTTCATGGAT GCTGGAGTGG AGCACGATGA CGTAGCAGAG1320
CTGCTGCAGG AGCTACAAAG CCTGGCCCAAG TGCTACCAGG GTGGTGACAG CCTCGTGGAC1380
15 TAAAGTTCCC AGTGTGGGAG AAAGGAGCTA GTTTGCAATA AAAACAGCTG GATGCAGGAG1440
CCCAGTGTCT TCATGCAGAG GAGCTCAATG TCGCGGGACT AGCTACACCA ACATATGCAC1500
TTTTTACATT TAGAAACACT GTGATTAGAC CACAGAACAA TAAATATGTG CCATCAGACC1560
AAAAAAAAGT AGAGAAAGGA GCTGAACTCC ACTCTCGATG CTATTTACAG AGGACATCTG1620
TAAAGTCTTC ATAAAAGACC TTGAATGATG CCTAGGATGG CAGAGCCCCT GGGTCCTACT1680
20 CCATCCTCCA GCCTTTGTCC TTGTCCTGGC CTCCTGCTCT CCAGATCTGT AAAGTGGGCT1740
CAAGGACTGT ACAAGCAGAG TACAACCTACC CCCTCCCCGG TGCCAGGGCG CCTGTTGGGT1800
TTGGTCCTGT GTAGATGATT CCCAGAGTCT CATTTCATCCA GCTCCTCTTC AGACAGAAGG1860
TCCCCATGGT CAGACAGCTG GTCTGCATTG CTGGTACTGG TTGCATCATC CTCATCCTCA1920
GAGCTGGCTT CACAGGCAGT GTGGAAGAGC TGCATGAGTT CTCGAAAACG GTGGGAAACC1980
25 TCAGCAGGGG TCTTATTTCC CAGCTGCTGG GAGATGATGT TGAAGGTCTG TGGCTGTGCC2040
CCTTGCTCCT GGCACATGGT GAGGATCACA CGGTCAGCTT CCCTTGTTCCA CAGGACAACC2100
TTTTCCCCAG TGGAGCTGAC CTTGCTGTTG TTGGCACACA CCGTAGCTTC TCGGGCCTTT2160
GGCTGCTGCT CCCCCTCTGG ACCCTTGGCC TGTGTTCCAC TGTCTTTAGC CAAACCCCTT2220
CTAGGGGCTT TGGGAGAAGT CTCTGAGGTG TCAATTCTCTG ATGGAGATTC ATGGACAGGG2280
30 CACGTCCTGT CTCTTGCTCT CACCCTAGCT CTGCTTGAGG GCAGCCATCT CTCTTGAGTG2340
TCTGGTTTCC CGGACACATG TCTTCTCCCT GCATCTCTGG TCTTTGAGGA AACAGGACTC2400
AGGAAGGAAG CAGGGGGTTC CACGGTACCA GGCAATTTCT CAGTTTCTGA TGCATCCCAG2460
ACCAGCATCA AAGCCTCTGA CTCACCTACT GCCTTTTGGC CCTCCCTCTC TTTCTGAAGT2520
CTGGGGGATG CCTTGGGGCA GGAGCGAACC TCAGGCCCAA CCTGGTTTCT CTTAACAGTG2580
35 TACAGTACAG CTCCAGTTGT GGGGGGAAAT TGAGGAGTCT CTGGTGAATG AGGTGGTGGG2640
CCATCCAGGA GGAGCCGTTC TGTA 2664

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 538:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 538

	GAATTCCCGC	CCGGACTGAC	GGAGCCCACT	GCGGTGCGGG	CGTTGGCGCG	GGCACGGAGG	60
5	ACCCGGGCAG	GCAGCGCAAG	CGACCCCGAG	CGGAGCCCCG	GAGCCATGGC	CCTGAGCGAG	120
	CTGGCGCTGG	TCCGCTGGCT	GCAGGAGAGC	CGCCGCTCGC	GGAAGCTCAT	CCTGTTCATC	180
	GTGTTCCCTG	CGCTGCTGCT	GGACAACATG	CTGCTCACTG	TCGTGGTCCC	CATCATCCCA	240
	AGTTATCTGT	ACAGCATTAA	GCATGAGAAG	AATGCTACAG	AAATCCAGAC	GGCCAGGCCA	300
	GTGCACACTG	CCTCCATCTC	AGACAGCTTC	CAGAGCATCT	TCTCCTATTA	TGATAACTCG	360
10	ACTATGGTCA	CCGGGAATGC	TACCAGAGAC	CTGACACTTC	ATCAGACCGC	CACACAGCAC	420
	ATGGTGACCA	ACGCGTCCGC	TGTTCCCTTC	GACTGTCCCA	GTGAAGACAA	AGACCTCCTG	480
	AATGAAAACG	TGCAAGTTGG	TCTGTTGTTT	GCCTCGAAAG	CCACCGTCCA	GCTCATCACC	540
	AACCCTTTCA	TAGGACTACT	GACCAACAGA	ATTGGCTATC	CAATTCCCAT	ATTTGCGGGA	600
	TTCTGCATCA	TGTTTGTCTC	AACAATTATG	TTTGCCTTCT	CCAGCAGCTA	TGCCTTCCTG	660
15	CTGATTGCCA	GGTCGCTGCA	GGGCATCGGC	TCGTCCTGCT	CCTCTGTGGC	TGGGATGGGC	720
	ATGCTTGCCA	GTGTCTACAC	AGATGATGAA	GAGAGAGGCA	ACGTCATGGG	AATCGCCTTG	780
	GGAGGCCTGG	CCATGGGGGT	CTTAGTGGGC	CCCCCCTTCG	GGAGTGTGCT	CTATGAGTTT	840
	GTGGGGAAGA	CGGCTCCGTT	CCTGGTGCTG	GCCGCCCTGG	TACTCTTGGA	TGGAGCTATT	900
	CAGCTCTTTG	TGCTCCAGCC	GTCCCGGGTG	CAGCCAGAGA	GTCAGAAGGG	GACACCCCTA	960
20	ACCACGCTGC	TGAAGGACCC	GTACATCCTC	ATTGCTGCAG	GCTCCATCTC	CTTTGCAAAC	1020
	ATGGGCATCG	CCATGCTGGA	GCCAGCCCTG	CCCATCTGGA	TGATGGAGAC	CATGTGTTCC	1080
	CGAAAGTGGC	AGCTGGGCGT	TGCCTTCTTG	CCAGCTAGTA	TCTCTTATCT	CATTGGAACC	1140
	AATATTTTTG	GGATACTTGC	ACACAAAATG	GGGAGGTGGC	TTTGTGCTCT	TCTGGGAATG	1200
	ATAATTGTTG	GAGTCAGCAT	TTTATGTATT	CCATTTCCAA	AAAACATTTA	TGGACTCATA	1260
25	GCTCCGAAC	TTGGAGTTGG	TTTTGCAAAT	GGAATGGTGG	ATTCGTCAAT	GATGCCTATC	1320
	ATGGGCTACC	TCGTAGACCT	GCGGCACGTG	TCCGTCTATG	GGAGTGTGTA	CGCCATTGCG	1380
	GATGTGGCAT	TTTGTATGGG	GTATGCTATA	GGTCCTTCTG	CTGGTGGTGC	TATTGCAAAG	1440
	GCAATTGGAT	TTCCATGGCT	CATGACAATT	ATTGGGATAA	TTGATATTCT	TTTTGCCCTT	1500
	CTCTGCTTTT	TTCTTCGAAG	TCCACCTGCC	AAAGAAGAAA	AAATGGCTAT	TCTCATGGAT	1560
30	CACAACTGCC	CTATTAATAA	AAAAATGTAC	ACTCAGAATA	ATATCCAGTC	ATATCCGATA	1620
	GGTGAAGATG	AAGAATCTGA	AAGTGACTGA	GATGAGATCC	TCAAAAATCA	TCAAAGTGTT	1680
	TAATTGTATA	AAACAGTGTT	TCCAGTGACA	CAACTCATCC	AGAACTGTCT	TAGTCATACC	1740
	ATCCATCCCT	GGTGAAAGAG	TAAAACCAAA	GGTTATTATT	TCCTTTCCAT	GGTTATGGTC	1800
	GATTGCCAAC	AGCCTTATAA	AGAAAAAGAA	GCTTTTCTAG	GGGTTTGTAT	AAATAGTGTT	1860
35	GAAACTTTAT	TTTATGTATT	TCATTTTATT	AAATATCATA	CAATATATTT	TGATGAAATA	1920
	GGTATTGTGT	AAATCTATAA	ATACTTGAAT	CCAAACCAAA	TATAATTTTT	TAACTTACAT	1980
	TAACAAACAT	TTGGGCAAAA	ATCATATTGG	TAATGAGTGT	TTAAAATTAA	AGCACACATT	2040
	ATCTCTGAGA	CTCTTCCAAC	AAAGAGAAAC	TAGAATGAAG	TCTGAAAAAC	AGAATCAAGT	2100
	AAGACAGCAT	GTTATATAGT	GACACTGAAT	GTTATTTAAC	TTGTAGTTAC	TATCAATATA	2160
40	TTTATGCGTT	AAACAGCTAG	TTCTCTCAAG	TGTAGAGGAC	AAGAACTTGT	GTCAGTTATC	2220
	TTTTGAATCC	ATAAATCTTA	GCTGGCATTA	GTTTTCTATG	TAATCACCTA	CCTAGAGAGA	2280
	GTTGTAAATT	ATATGTTAA	ATGTTATCTG	GTTGGCAGCA	AACACTAAAG	CCAATAAAGG	2340
	AAAAACAGTA	AATGTTCCGA	AAGCAGAGAA	AAGCAACCAA	ACATATTGTT	ATGAACTAAA	2400
	AGCTTTCCCT	TTAAGATGCA	TACTTGTCTT	ACTGGATGAA	GAAAATTGAG	GGTACATGTA	2460
45	CCTTATACTG	TCAAGGTTGT	TTAAACATGA	TAAGGTTAAT	CGCCATCTAC	TTCAAGTTTT	2520
	AGAAAAGGAA	ACAAGAAGCT	AAAAACAGCT	GCTCTGACTT	TAATATCTGA	CTATATCTTT	2580
	GATCTGTTTG	CAGGTCATCC	AAGTGTTTTT	TAGGAATATA	TTTATTTTAG	GTTGTCTGAA	2640
	ACTACTATTT	TTTAGACTCC	TGAAAGTTGT	TCACATCAAT	GTGAAGACAA	ATTTTAAATG	2700
	AAAATGAAGA	ATGAAATTAT	GTCTTGAATC	ATATATTAAG	AAGTAAAAAT	AATAGTGATC	2760
50	AGGCAGAAAA	GAAAAATGGA	ACATCTAAAA	ATGTATGTGC	TAACTATATC	ATCCAGTGTG	2820
	CAGTGTTGTG	TATTTTTCTA	AGCATGACAA	CATGTATGTG	CCTTTTCAGT	GTAACAGCAA	2880
	ATACTGTTAG	TGAACATTGT	CAATTTATGT	CATTTTGTTA	AGAGATATGA	CTGGAGTGTG	2940
	CAGTGTGGAA	TGTCTCTAAT	ACTACTTGAG	AATCCTGCAG	TTCTATAATC	ATAAACAAAA	3000
	ATTACTTAGT	TTCGTTAAGC	TAAGATTGTG	TTTGTGTTAA	CTTCGACATC	AAGGAGCAAA	3060
55	GAACTTTAGA	ACAGACTCCT	CAATCTTGTT	ACTTTCTTAT	TCTCTAGGAA	AGTAACACTT	3120
	CGTTTCATGA	AGCTTTTCTG	TGGGGCTTCG	ATTATTTCAA	GTCTGGTTTC	TAAGTGCAGT	3180
	GTGTTTGAAG	CAAACGAACT	TCCAACCTAC	TTATTTGGCA	TTGGGCAACT	TGGCCAAGTC	3240
	TGCTACTTTG	GAAGATGGCT	CTGGAGGAAA	CTCTCATATG	GCTAAAAAGG	CAGGCTAGTT	3300
	TCTTACTTCT	ACAGGGGTAG	AGCCTTAAAA	AAGAACGTGC	TACAAATTGG	TTCTCTTTGA	3360
60	GGGTTTCTGG	TTCTCCCTGC	CCCCAATACC	ATATACTTTA	TTGCAATTTT	ATTTTGCCT	3420
	TTACGGCTCT	GTGTCTTTCT	GCAAGAAGGC	CTGGCAAAGG	TATGCCTGCT	GTTGGTCCCT	3480
	CGGGATAAGA	TAAAATATAA	ATAAAACCTT	CAGAACTGTT	TTGGAGCAAA	AGATAGCTTG	3540

5 TACTTGGGGA AAAAATTCT AAGTCTTTT ATATGACTAA TATTCTTGGT TAGCAAGACT3600
GGAAAGAGGT GTTTTTTTAA AATGTACATA CCAGAACAAA GAACATACAG CTCTCTGAAC3660
ATTTATTTTT TGAACAGAGG TGGTTTTTAT GTTTGGACCT GGTAATACAG ATACAAAAAC3720
TTTAATGAGG TAGCAATGAA TATTCAACTG TTTGACTGCT AAGTGTATCT GTCCATATTT3780
TAGCAAGTTT ACTTAATAAA TCTTCTGAAC CATGTTTTGT GCCTGTTTGT ATTCCTTTAT3840
AAACCAAATG TTGTTGGAAT AAAATACATA AGGTATCATT TTGACCGT 3888

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 539:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3304 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 539

AAACCCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60
AGAGTGCAGC GGCAGGCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120
ATGGAAC TTCCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180
35 AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTCACGC 240
TGATGCCCGT GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300
TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360
GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420
GCTCCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480
40 GCCAGGCGCC CGCCAACTGG TACAATGACA CCTACCCCTT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540
CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600
AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660
GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720
AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780
45 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840
TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900
AGGACGAGCG TCTGTACGTG GGCGGCCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960
TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020
AGAACTGGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080
50 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCCTGCCGC1140
GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200
TGCTGAGCGC CTCCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC1260
CCACTCACGG CTTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG1320
CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380
55 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440
TCATTTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500
AAGAGGAGTG CACTTTTGTG TTGTTTTGTT CTTTTTGGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC1560
TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620

CGGAGGCCGC GGTCTGAACT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC1680
AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTCGTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC1740
TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCACTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG1800
CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860
5 AGGTCACCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920
ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980
GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG2040
GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100
TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTTA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160
10 AAAGCAGTTT CCTTTCTTAT AAAGTGGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220
TGTAAGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GGCGGCTGGT2280
GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340
CCTTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400
ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT2460
15 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTTGCA GGCTCTTCTC TGTGGAAACT2520
TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGAC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580
GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTCACA2640
GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCCACC CTCCTCCTA CCCCACCCCG2700
CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCGGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760
20 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAACT CAAGCACAGC TGCAGAGGAG GCAGCGAGGA2820
GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880
AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940
CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT3000
CATTGTCTT GATGTCCAGG CTGGGTCATT TAAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060
25 GGAAGTTGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120
ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTACTTTAAA3180
GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCTTC3240
CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300
GGAT 3304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 863 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 540

55 CAGGATTGAA ACAAGATGGC GGGTTCGTGG TGAGAAGCCG TCAAGGAGTA GAAATTGGTA 60
TGCTTAGAAG CAGATTCTAA AAGCAGTTTC TCTTCAGAAC ATCTTTTTTC ATACCACTTG120
ATAAGCATCT TGAAACACCA TGGCTGTAGC TGCAGTAAAA TGGGTGATGT CAAAGAGAAC180
TATCTTGAAA CATTTATTTT CAGTCCAAAA TGGAGCTTTA TATTGTGTTT GTCATAAATC240

5 TACGTATTCT CCTCTACCAG ATGACTATAA TTGCAACGTA GAGCTTGCTC TGACTTCTGA300
TGGCAGGACA ATAGTATGCT ACCACCCTTC TGTGGACATT CCATATGAAC ACACAAAACC360
TATCCCTCGG CCAGATCCTG TGCATAATAA TGAAGAAACA CATGATCAAG TGCTGAAAAC420
CAGATTGGAA GAAAAAGTTG AACACCTTGA GGAAGGACCT ATGATAGAAC AACTTAGCAA480
AATGTTCTTT ACTACTAAGC ACCGTTGGTA TCCTCATGGA CGGTATCACA GATGTCGTAA540
GAATCTGAAT CCTCCAAAAG ACAGATGATG CGGAGGTTCC TGGGGGAATC AAAGAGAAAT600
GTGCCTCATT TGCCATTTGA GAAATGTCAG TCTGGTGTAT TCAGTAATAT ATAGTAAAGT660
AATAATGATA AAATATCTTT TCATATATTA GAATGTGTAC TTTTATATAA AGTAATTCTG720
GATTTGACAT TCTCATTTAG AGAGACCTAT TCCTTTTTTC GTTTTCTATT TTAGTGTTTC780
10 ATTTATGTGC GGTCTCCAAT TTAGGACTTT TCCATAGTGC CAAAGCCATA CATATTCAGT840
AGAACATCAA TAAAAA AAA 863

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 541:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 541

ACCGACGGCC GCCCCTTTTC GTCTTTTTTT TTTTACATT TCAAATATAT TTTATTACTT 60
TCCATCTTAG AAAGAATATG AAACCTGCAT GCAATGCTAA TGGTTTCTGA CATGTACATA 120
GCATATAACA CAGCAGTACA ATGCGGCATA TACTGGGGGG CAGTGTGTGG AGGGGGCGTT 180
40 CTTAAGGGTA TATGTACAGA GGAAAGGGCG CATGGTCATC TTAGCTTTTCG AAAGAGGACT 240
GCACTGTTTA ACATTGAAGA ATTACATGGG GAATCACAAA TATATTGCTT TAGTACTGCA 300
TGTTCTGTTG TGGTGAGGGA AAGAAACATG CTTTGAAGGT TTTCCCTTGT CAACAGAATG 360
TGTGTCTGTA GCTGTGTATT GCGCATGTAT TCATATATTT TTAAGTTTTTC TCCTAAGGTT 420
TTTGCTGACA GTGTTGGGAA CCTCACATGC TTCTGAAGCA TTAAATATTG AACCTGTGAA 480
45 CCTTTCAGAA ATCCTCAGGT TGGGAAAGAC CCCACACCTT CTTTAAGGAT CATTTGTCTC 540
GCCATCACAG GATCTTGGAA ATGTTTCCTA GGGTGTGTAA AAATTAACCA GGGGGGAATG 600
AAGCACATTT TTCTGGCAAC CAAACTTGAG TTCCTCAGAG AACAGATGCA GAGAGACCTG 660
CTCCTGCTTG CCCGGCTACA GGGGCCACTG TGGAGTCACA CTGAGGCTGT GACCGGCCAT 720
AAGCCCAGGA GAGCCCGTGG CAGCTGTGCC GAGGCGCCAG GACCTCTAAG CGGAAGCTTC 780
50 CCAAGCTAGG AATGGAGCAA CACTGCAATG AAATGTGTCC ACCAAGCTCA TTGTTCTCCTC 840
CGGGCGCTTA TAAAGCTCAG ATGTATAGTG ACGTATGGAC AAATACAAAA AAAAAAAAAA 900
AAAAAAAAAA AAAAAAGCC TTTCTTTCTC ACAGGCATAA GACACAAATT ATATATTGTT 960
ATGAAGCACT TTTTACCAAC GGTCAGTTTT TACATTTTAT AGCTGCGTGC GAAAGGCTTC1020
CAGATGGGAG ACCCATCTCT CTTGTGCTCC AGACTTCATC ACAGGCTGCT TTTTATCAAA1080
55 AAGGGGAAAA CTCATGCCTT TCCTTTTTTAA AAAATGCTTT TTTGTATTTG TCCATACGTC1140
ACTATACATC TGAGCTTTAT AAGCGCCCGG GAGGAACAAT GAGCTTGGTG GACACATTTTC1200
ATTGCAGTGT TGCTCCATTC CTAGCTTGGG AAGCTTCCGC TTAGAGGTCC TGGCGCCTCG1260
GCACAGCTGC CACGGGCTCT CCTGGGCTTA TGGCCGGTCA CAGCCTCAGT GTGACTCCAC1320


```

AGTGGCCCCCT GTAGCCGGGC AAGCAGGAGC AGGTCTCTCT GCATCTGTTC TCTGAGGAAC1380
TCAAGTTTGG TTGCCAGAAA AATGTGCTTC ATCCCCCCT GGTTAATTTT TACACACCCT1440
AGGAAACATT TCCAAGATCC TGTGATGGCG AGACAAATGA TCCTTAAAGA AGGTGTGGGG1500
TCTTTCCCAA CCTGAGGATT TCTGAAAGGT TCACAGGTTC AATATTTAAT GCTTCAGAAG1560
5 CATGTGAGGT TCCCAACACT GTCAGCAAAA ACCTTAGGAG AAAACTTAAA AATATATGAA1620
TACATGCGCA ATACACAGCT ACAGACACAC ATTCTGTTGA CAAGGGAAAA CCTTCAAAGC1680
ATGTTTCTTT CCCTCACCAC AACAGAACAT GCAGTACTAA AGCAATATAT TTGTGATTCC1740
CCATGTAATT CTTCAATGTT AAACAGTGCA GTCCTCTTTC GAAAGCTAAG ATGACCATGC1800
GCCCTTTCCT CTGTACATAT ACCCTTAAGA ACGCCCCCTC CACACACTGC CCCCAGTAG1860
10 TACGCAGGCA TTGGTACCGG CTGGTGTTAA AATGGCTATG GGACATGGTC AGGAAACCAT1920
TTAGGCATTG GCATTGAGGG TTCCATAATC CGTTTCTAAG GA 1962

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 542:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1772 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 542

```

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCCTCCCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120
GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CTTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180
40 GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGGCAGCAG CGCCGGCGGC GCGGGCTGAA 300
CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAGC TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360
CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAA GCCGCAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420
CCCCAGCAAC TTCCTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480
45 CCGCTTCACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540
ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGA CTG TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAGAGA 600
GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGCTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTAGA 660
GGAGATGATG GAATATTTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAACAAGG GCTGGAGCAG 720
TTTATAAACA AGGTCGCTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTTT 780
50 TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840
TTGGCAAGAA GGGGCAAAA CGTGACTATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900
TAAC TTTTAG CATGCTGCAC AGAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960
ATGCTCAGTT TTGTTTTGTT TTGGCAGTTG ACAAGAAGTT AATTGCTTT AGTAAAAATC1020
CCTCATTCCA GCCTTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTTAATGT GGTGCACACT1080
55 ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140
TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCATCTGAT TAACTAGAAT1200
ATTTCTCTTT CCCCTTTTA ATTTGTGATG TCACTTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260
TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320

```

TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380
TATAAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTTGT CTAATAATTT AAGTTGTTTT1440
CAAATAAAAA TTAAAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTTGCCTCC AGCTTTTTTT1500
GCTCTCTATG AGTGACTACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560
5 TTCTCATTCC TGTAAGTCCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTTCCATCC1620
ATTGAATGGG GTATTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680
GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740
TTAAAGGAC TTCAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1009 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen EST's durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 543

CTCGTGCGGT GATGTTGAGC AGAAGATACA ATTCAAAGA GAAACAGCCA GTTTGAAACT 60
35 GTTACCCAC CAGCCCCGAA TTGTGGAGAT GAAGAAAGGA AGCAATGGCT ATGGTTTCTA 120
TCTGAGGGCA GGCTCAGAAC AGAAAGGTCA AATCATCAAG GACATAGATT CTGGAAGTCC 180
AGCAGAGGAG GCTGGCTTGA AGAACAAATGA TCTGGTAGTT GCTGTCAACG GCGAGTCTGT 240
GGAAACCCTG GATCATGACA GTGTGGTAGA AATGATTAGA AAGGGTGGAG ATCAGACTTC 300
ACTGTTGGTG GTAGACAAAG AGACGGACAA CATGTACAGA CTGGCTCATT TTTCTCCATT 360
40 TCTCTACTAT CAAAGTCAAG AACTGCCCAA TGGCTCTGTC AAGGAGGCTC CAGCTCCTAC 420
TCCCACTTCT CTGGAAGTCT CAAGTCCACC AGATACTACA GAGGAAGTAG ATCATAAGCC 480
TAAACTCTGC AGGCTGGCTA AAGGTGAAAA TGGCTATGGC TTTCACCTAA ATGCGATTCTG 540
GGGTCTGCCA GGCTCATTCA TCAAAGAGGT ACAGAAGGGC GGTCTGCTG ACTTGGCTGG 600
GCTAGAGGAT GAGGATGTCA TCATTGAAGT GAATGGGGTG AATGTGCTAG ATGAACCCTA 660
45 TGAGAAGGTG GTGGATAGAA TCCAGAGCAG TGGGAAGAAT GTCACACTTC TAGTCTGTGG 720
AAAGAAGGCC TATGATTATT TCCAAGCTAA GAAATCCCT ATTGTTCCCT CCCTGGCTGA 780
TGCCAGTTGA CAGCCCTGCA GGTTCTAAAG AAGGAATAGT GGTGGAGTCA AACCATGACT 840
CGCACATGGC AAAAGAACGG GCGGCTATTG CAGACGGCTA ATTTATGCTT AACTTAGGAA 900
GAGATAAGGT TCCTTGAGCA CCAAAGATGA TTCATAACTC TGTATAGGTG ACAGCTGCTT 960
50 ATAAAAGCAT CTTAGCAGAT AAGCCTATTA AAATTGTGCT TTTGTAACA 1009

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55 (A) LÄNGE: 2834 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 544

```
20  CACTTTGCGG GCGGCACTTT TTCCAGGTTG TTAATCCAGC TAATGGAGAA GGATAGATGC 60
    ACGCTACTTG GTTTAGAAAA AAAAACAAAA ATGAGCAAAC GAGACGCCCC TTCCGTTTTA 120
    TGATAACTAA GCTGCAGGGA AATAAATCGG CTGGCCCTAC TGCAATCTAC TGCACCTCGAG 180
    AAACATCACA GAAAATTCTT TGATTTATCT TAATAGTGAC AAGTGAGCCT GCTTCTGTCA 240
    ATTACTGAAG CTATAAGGAG ATTTTTTAAA AATTAAACTT CAACACAATG AGGTGTTGCC 300
25  ACATCTGCAA ACTTCCTGGG AGAGTAATGG GGATTCGAGT GCTTCGATTA TCTTTGGTGG 360
    TCATCCTCGT ATTATTACTG GTAGCTGGTG CTTTGACTGC CTTACTTCCC AGTGTTAAAG 420
    AAGACAAGAT GCTCATGTTG CGTAGGGAAA TAAAATCCCA GGGCAAGTCC ACCATGGACT 480
    CCTTTACTCT CATAATGCAG ACGTACAACA GAACAGATCT CTTATTGAAA CTTTTAAATC 540
    ATTATCAGGC TGTACCAAAT CTGCACAAAG TGATTGTGGT ATGGAACAAT ATTGGAGAGA 600
30  AGGCACCAGA TGAGTTATGG AATTCTCTAG GGCCCCACCC TATCCCTGTG ATCTTCAAAC 660
    AACAGACAGC AACAGGATG AGAAATCGAC TCCAGGTCTT TCCTGAAGTG GAAACCAATG 720
    CAGTGTTGAT GGTAGATGAT GACACACTCA TCAGCACCCC AGACCTTGTT TTTGCTTTCT 780
    CAGTTTGGCA GCAATTTCTT GATCAAATTG TAGGATTTGT TCCTAGAAAG CACGTCTCTA 840
    CTTTCATCAGG TATCTACAGT TATGGAAGTT TTGAAATGCA AGCACCAGGG TCTGGAAATG 900
35  GTGACCAGTA CTCTATGGTG CTGATTGGAG CCTCATTCTT CAATAGCAAA TATCTTGAAT 960
    TATTTTCAGAG GCAACCTGCA GCTGTCCATG CTTTGATAGA TGATACTCAA AACTGTGATG1020
    ATATTGCCAT GAATTTTATC ATTGCCAAGC ATATTGGCAA GACTTCAGGG ATATTTGTGA1080
    AGCCTGTAAA CATGGACAAT TTGGAAAAAG AAACCAACAG TGGCTATTCT GGAATGTGGC1140
    ATCGAGCTGA GCACGCTCTG CAGAGGTCTT ATTGTATAAA TAAGCTTGTT AATATCTATG1200
40  ATAGCATGCC CTTAAGATAC TCCAACATTA TGATTTCCCA GTTTGGTTTT CCATATGCCA1260
    ACTACAAAAG AAAAATATAA AAGTAAAACA AACAAAAACA AACCTGAAAA CTGCTTGGCA1320
    TTTGAGTAGC TTCTCCATGC TATGTATTTT TTTAAGCAAC ATCATGAATT TTATCTACTC1380
    CAGAAGTCTC TACAATAGAA AAAAAAGTGC AGTGCTTCTA GGATATAAAA TTCACATTAC1440
    TTTTGAAAGC CAAGAAGTTG GTCTTATCCA GTTAGGTCTT CTTATGAAGA GTTTTCATCC1500
45  AGGGATATAA CTCCTTGGTC AGTGATTTTA TTGTTTACAT CCTGAGACTG TTCTACAGTT1560
    TCTTTGACTC CTGGCATTTC CCTTAAGGAC CTATAGCAAG CTGTTTCTAG GATCAGAAAC1620
    TCAAGAGAGG CATTTCTCTG CTTTTTCACT AAAGGTCAGT TGTTTTAATT TGAAACCTGA1680
    AATGCCTCTT TAGCAAAAGC CTGTGGTATG GGGTAAAGCC ATGTAAGAAG AGAATAGTCT1740
    CAGTCACATA TGAAGAGGAA AATTTGCAGC TGCCAGTGCT TTCCTTGTGG CCCTGCCAAC1800
50  CAGCTCTTCC AGGACGAAC TAGTCCAGCA TGGTTTTGAT GTAACCATCC ATGCTTTTAT1860
    TTTTGTTAAG TCTTTTGTGA CTGGGACAGT TAATTTTAGT AGCTGAAGAA CGTCTAGTTG1920
    TTTGCTTGAT ATTTGTGAAC ATTTACTGCA TGGATCACAA AACAATATAC CCTGTATTTT1980
    TTACACGCCA CTTATATGCA GCAAGGAGTA AATGTGTTAC TAGATTCGGG TAGTGCATTT2040
    TGTCACCTGAA TCTGACCTTG AGAATGTACA TTAATTCCTA TATTTTACAT AATGTATGTG2100
55  TTGTTTAAGA AATGTATAAA AAACCTGAAA AAAATGAGTA AGAACTGGCA GAAGTTAAAA2160
    CCCTTTGTAT CAAAAGATCT TTATTGGTAG AGCACTGGTT ATCTTCTGGA TACTAAAAAG2220
    TTGTATTACA AAGCCAAACA CTTGCATTCA CAACTTTAAA AAAAGATCCA AGGAACTATT2280
    CATAATGATG AAATTCCAAC TACATACAAG GAGGAGAAAA TAAGAACCCA GTCATAACAG2340
    AGGAATTCTA TAGGAGTCTG CATCAATTCA TTCTTAAGGT TGCCTACTCT CTGTTATGTG2400
```


AATTAGCGTC TGTGTTTCAC CCATTGTCTG TGTTTAGTCC TTGTTACCA CTAAGGCAAG2460
GAATTCTTAA CTAGGCCTCT GTTTACCAAC TTCTCTTTCT CCTCCTTTCC CTCTTATTCC2520
TCCTTCTCCT CTTCTTCTT ATATAATGCT AGTATATTCT CAAAATTGCA AAGCTGTGAG2580
AATATTAAAA TAATCATGGC TAATGTTCCA ATAATGAGGT CTTTGTGCAT TTAGTCCGC2640
5 ATATGATGGT TTTTTTTTTCATTAAAGAG TATATGTGTC TTAATGCAGT CAGATTGTAA2700
AAAACAAAAA CAAAGAACT AAGAATCTTA CTAAAAATCG ATAATGTCAG TTATCTGTTT2760
TGTCCAATAT TGGTAGTACT TTTTGCCTC TTATGATTCC TCTAGCAGAT AAATAAAGA2820
AACTTTTGCC ATCC 2834

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2319 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 545

35 AACGTCATTG GTAACAGCAA GTCCCAGACA CCAGCCCCCA GTTCCGAAGT GGTTTTGGAT 60
TCAAAGAGAC AAGTTGAGAG AGAGGAAACC AACCATGAGA TCCAGGAGGG GAAAGAAGAG 120
CCTCAGAGGG ACAGGCTGCC GCAGGAGCCA GGCCGGGAGC AGGTNGTGGA AGACAGACCT 180
GTAGGTGGAA GAGGCTTCGG GGGAGCCGGA GAACTGGGCC AGACCCACA GGTGCAGGCT 240
GCCCTGTCAG TGAGNCCAGG AAAATCCAGA GATGGAGGGC CCTGAGCGAG ACCAGCTTGT 300
CATCCCCGAC GGACAGGAGG AGGAGCAGGA AGCTGCCGGG GAAGGGAGAA ACCAGCAGAA 360
40 ACTGAGAGGA GAAGATGACT ACAACATGGA TGAAAATGAA GCAGAATCTG AGACAGACAA 420
GCAAGCAGCC CTGGCAGGGA ATGACAGAAA CATAGATGTT TTTAATGTTG AAGATCAGAA 480
AAGAGACACC ATAAATTTAC TTGATCAGCG TGAAAAGCGG AATCATAAC TCTGAATTGA 540
ACTGGAATCA CATATTTTAC AACAGGGCCG AAGAGATGAC TATAAAATGT TCATGAGGGA 600
CTGAATACTG AAAACTGTGA AATGTACTAA ATAAAATGTA CATCTGAANG ATGATTATTG 660
45 TGNAAATTTT AGTATGCACT TTGTGTAGGA AAAAATGGNA ATNGGTCTTT TAAACAGCTT 720
TTGGGGGGNT ACTTTNGGAA GTGTCTNAAT AANGGTGTCA CNAATTTTGT GNTAGTANGG 780
TATTTCTGTA GNAAGNNTTC AACACCAAAA CTNGGAACAT AGTTCTCCTT CAAGTGTTGG 840
CGACANCGGG NNGCTTCCTG ATTCTGGAAT ATAACCTTGT GTAAATTAAC AGCCACCTAT 900
AGAAGAGTCC ATCTGCTGTG AAGGAGAGAC AGAGAACTCT GGGTTCCGTC GTCCTGTCCA 960
50 CGTGCTGTAC CAAGTGCTGG TGCCAGCCTG TTACCTGTTC TCACTGAAAA GTCTGGCTAA1020
TGCTCTTGTG TAGTCACTTC TGATTCTGAC AATCAATCAA TCAATGGNCC TAGANGCACT1080
GACTGTTAAC ACAAACGTCA CTAGNCAAAG TAGNCAACNA GCTTTAAGTC TAAATACAAA1140
GCTGTTCTGT GTGAGAATTT TTTAAAAGGC TACTTGTATA ATAACCCTTG TCATTTTAA1200
TGTACAAAAC GCTATTAAGT GGCTTAGAAT TTGAACATTT GTGGNTCTTT ATTTACTTTG1260
55 CTTNCGTGTG TGGGCAAAGC AACATCTTCC CTAAATATAT ATTACCAAGA AAANGCAAGA1320
AGCAGATTAG GNTTTTGTG NNAAAACANA ACAGGCCNNA AAAGGGGGCN TGNACCTGGA1380
GCAGAGCATG GTGNAGAGGC AAGGCATGNA GAGGGCAAGT TTGTTGTGGA CAGATCTGTG1440
CCTACTTTAT TACTGGAGTA AAANGAAAAC AAAGTTNCAT TGATGTCGNA AGGATATATA1500

5 CAGTGTTNAG AAATTNNAGG NACTNGTTTN AGAAAAACAG GAATACNNAA TGGNTTGNTT1560
TTTATCATAN GTGNTACACA TTTAGCTTGT GGNTAAATNG ACTCACAAAA CTGANTTTTA1620
AAATCAAGTT AATGTGAATT TTGAAAATTA CTACTTAATC CTAATTCACA ATAACAATGG1680
CATTAAAGGTT TGACTIONAGT TGGTTCTTAG TATTATTTAT GGTAATAGG CTCTTACCAC1740
10 TTGCNAAATA ACTGGNCCAC ATCATTAAATG ACTGACTTCC CNAGTAANGG CTCTCTAAGG1800
GGTAAGTNAG GAGGATCCAC AGGATTTGAG ATGCTAAGGC CCCAGAGATC GTTTGATNCC1860
AACCCTCTTA TTTTCNAGAG GGGAAAATGG GGCCTNAGNA AGTTACANGA GCATCNTNAG1920
CNTGGTGCGC TGGNCACCCC NTGGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGANCTA1980
CAGGCACACA GTCACGAAG CAGGCCCNTG TTTGCAATTC ACGTTGCCNA CCTNCCAACN2040
15 TTAAACATTN CTTCATATGT GATGTCCTTA GTCACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCACCCA2100
GAAAAGGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTTCCA2160
GCCTCACTTT GAGTCCTCCT TNGGGGTTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTTGC TTTCTCAATA2220
AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAAATGTT2280
CTGTTCAACT TANNNNNAAA AAAAAANAA AAAAAAAA 2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 546:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2456 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle-cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 546

40 TGCAACTGTG CACCCAGCTT GCCAGATTTT TCCCCATTAC ACCCCCAGTG TGGCATATCC 60
TTGGTCCCCA GAGGCACACC CCTTGATCTG TGGACCTCCA GGCCTGGACA AGAGGCTGCT 120
ACCAGAAACC CCAGGCCCTT GTTACTCAA TTCACAGCCA GTGTGGTTGT GCCTGACTCC 180
TCGCCAGCCC CTGGAACCAC ATCCACCTGG GGAGGGGCCT TCTGAATGGA GTTCTGACAC 240
CGCAGAGGGC AGGCCATGCC CTTATCCGCA CTGCCAGGTG CTGTCGGCCC AGCCTGGCTC 300
45 AGAGGAGGAA CTCGAGGAGC TGTGTGAACA GGCTGTGTGA GATGTTTCAGG CCTAGCTCCA 360
ACCAAGAGTG TGCTCCAGAT GTGTTGGGGC CCTAACTTGG CACAGAGTCC TGCTCCTGGG 420
AAAGGAAAGG ACCACAGCAA ACACCATTCT TTTTGCCGTA CTTCTTAGAA GCACTGGAAG 480
AGGACTGGTG ATGGTGGGAG GGTGAGAGGG TGCCGTTTTC CTGCTCCAGC TCCAGACCTT 540
GTCTGCAGAA AACATCTGCA GTGCAGCAA TCCATGTCCA GCCAGGCAAC CAGCTGCTGC 600
50 CTGTGGCGTG TGTGGGCTGG ATCCCTTGAA GGCTGAGTTT TTGAGGGCAG AAAGCTAGCT 660
ATGGGTAGCC AGGTGTTACA AAGGTGCTGC TCCTTCTCCA ACCCCTACTT GGTTCCTCCTC 720
ACCCAAGCC TCATGTTTCAT ACCAGCCAGT GGGTTCAGCA GAACGCATGA CACCTTATCA 780
CCTCCCTCCT TGGGTGAGCT CTGAACACCA GCTTTGGCCC CTCCACAGTA AGGCTGCTAC 840
ATTCAGGGGC AACCCTGGGC TCTATCATTT TCCTTTTTTG CAAAAGGAC CAGTAGCATA 900
55 GGTGAGCCCT GAGCACTAAA AGGAGGGGTC CCTGAAGCTT TCCCACTATA GTGTGGAGTT 960
CTGTCCCTGA GGTGGGTACA GCAGCCTTGG TTCCTCTGGG GGTGAGAAT AAGAATAGTG1020
GGGAGGGAAA AACTCCTCCT TGAAGATTC CTGTCTCAGA GTCCAGAGA GGTAGAAAGG1080
AGGAATTTCT GCTGGACTTC ATCTGGGCAG AGGAAGGATG GAATGAAGGT AGAAAAGGCA1140

GAATTACAGC TGAGCGGGGA CAACAAAGAG TTCTTCTCTG GGAAAAGTTT TGTCTTAGAG1200
CAAGGATGGA AAATGGGGAC AACAAAGGAA AAGCAAAGTG TGACCCTTGG GTTTGGACAG1260
CCCAGAGGCC CAGCTCCCCA GTATAAGCCA TACAGGCCAG GGACCCACAG GAGAGTGGAT1320
TAGAGCACAA GTCTGGCCTC ACTGAGTGGA CAAGAGCTGA TGGGCCTCAT CAGGGTGACA1380
5 TTCACCCCAG GGCAGCCTGA CCACTCTTGG CCCCTCAGGC ATTATCCCAT TTGGAATGTG1440
AATGTGGTGG CAAAGTGGGC AGAGGACCCC ACCTGGGAAC CTTTTTCCCT CAGTTAGTGG1500
GGAGACTAGC ACCTAGGTAC CCACATGGGT ATTTATATCT GAACCAGACA GACGCTTGAA1560
TCAGGCACTA TGTTAAGAAA TATATTTATT TGCTAATATA TTTATCCACA AATGTGGTCT1620
GGTCTTGTGG TTTTGTCTCTG TCGTGACTGT CACTCAGGGT AACAAACGTCA TCTCTTTCTA1680
10 CATCAAGAGA AGTAAATTAT TTATGTTATC AGAGGCTAGG CTCCGATTCA TGAAAGGATA1740
GGGTAGAGTA GAGGGCTTGG CAATAAGAAC TGGTTTGTA GCCCCTAAAA GTGTGGCTTA1800
GTGAGATCAG GGAAGGAGAA AGCATGACTG GATTCTTACT GTGCTTCAGT CATTATTATT1860
ATACTGTTCA CTTCACACAT TATCATACTT CAGTGACTCA GACCTTGGGC AAATACTCTG1920
TGCCTCGCTT TTTCAGTCCA TAAATGGGC CTACTTAATA GTTGTTGCAG GACTTACATG1980
15 AGATAATAGA GTGTAGAAAA TATGTTCCAA AGTGGAAGT TTTATTTCAGT GATAGAAAAC2040
ATCCAAACCT GTCACAGAGC CCATCTGAAC ACAGCATGGG ACCGCCAACA AGAAGAAAGC2100
CCGCCCGGAA GCAGCTCAAT CAGGAGGCTG GGCTGGAATG ACAGCGCAGC GGGGCCTGAA2160
ACTATTTATA TCCCAAAGCT CCTCTCAGAT AAACACAAAT GACTGCGTTC TGCCTGCACT2220
CGGGCTATTG CGAGGACAGA GAGCTGGTGC TCCATTGGCG TGAAGTCTCC AGGGCCAGAA2280
20 GGGGCCTTTG TCGCTTCCTC ACAAGGCACA AGTTCCCCTT CTGCTTCCCC GAGAAAGGTT2340
TGGTAGGGGT GGTGGTTTAG TGCCTATAGA ACAAGGCATT TCGCTTCCTA GACGGTGAAA2400
TGAAAGGGAA AAAAAGGACA CCTAATCTCC TACAAATGGT CTTTAGTAAA GGAACC 2456

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 547:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2218 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 547

50

GAGGAAAAAG AACAAATGAAC AGCAACGATC TTGACTGTGC AACTCAGACA TTCCTGCAGA 60
AAAGACATAT GTTGCTTTAC AAGAAGGCCA AAGAACTATG GGGCCTTCCC AGCATTGAC 120
TGTTCAATTGC ATAGAATGAA TTAAATATCC AGTTACTTGA ATGGGTATAA CGCATGAATG 180
TGTGATTTTA TTAGGGGCAT CTGCCAATTC TCTCACTGTG GTTCCTTCTC TGACTTTGCC 240
TGTTCAATCAT CTAAGGAGGC TAGATCCTTC GCTGACTTCA CCATTCCTCA AACCTGTAAG 300
TTTCTCACTT CTTCCAAATT GGCTTTGGCT CTTTCTTCAA CCTTTCCATT CAAGAGCAAT 360
CTTTGCTAAG GAGTAAGTGA ATGTGAAGAG TACCAACTAC AACAAATCTA CAGATAATTA 420
55 GTGGATTGTG TTGTTTGTG AGAGTGAAGG TTTCTTGGCA TCTGGTGCCT GATTAAGGCT 480
TGAGTATTAA GTTCTCAGCA TATCTCTCTA TTGTCTTGAC TTGAGTTTGC TGCATTTTCT 540
ATGTGCTGTT CGTGACTTGG AGAACTTAAA GTAATCGAGC TATGCCAACT TGGGGTGGTA 600
ACAGAGTACT TCCCACCACA GTGTTGAAAG GGAGAGCAAA GTCTTATGGA TAAACCCTCC 660

TTTCTTTTGG GGACACATGG CTCTCACTTG AGAAGCTCAC CTGTGCTGAA TGTCCACATG 720
GTCACTAAAC ATGTTATCCT TAAACCCCCC GTATGCCTGA GTTGAAAGGG CTCTCTCTTA 780
TTAGGTTTTTC ATGGGAACAT GAGGCAGCAA ATCTATTGCT AAGACTTTAC CAGGCTCAAA 840
TCATCTGAGG CTGATAGATA TTTGACTTGG TAAGACTTAA GTAAGGCTCT GGCTCCCAGG 900
5 GGCATAAGCA ACAGTTTCTT GAATGTGCCA TCTGAGAAGG GAGACCCAGG TTATGAGTTT 960
TCCTTTGAAC ACATTGGTCT TTTCTCAAAG TTCCTGCCTT GCTAGACTGT TAGCTCTTTG1020
AGGACAGGGA CTATGTCTTA TCAATCACTA TTATTTTCCT GTTACCTAGC ATGGGACAAG1080
TACACAACAC ATATTTGTGT AGTCTTCTAA AAGACTCCTC TGATTGGGAG ACCATATCTA1140
TAATTGGGAT GTGAATCATT TCTTCAGTGG AATAAGAGCA CAACGGCACA ACCTTCAAGG1200
10 ACATATTATC TACTATGAAC ATTTTACTGT GAGACTCTTT ATTTTGCCTT CTACTTGCGC1260
TGAAATGAAA CCAAAACAGG CCGTTGGGTT CCACAAGTCA ATATATGTTG GATGAGGATT1320
CTGTTGCCTT ATTGGGAACT GTGAGACTTA TCTGGTATGA GAAGCCAGTA ATAAACCTTT1380
GACCTGTTTT AACCAATGAA GATTATGAAT ATGTTAATAT GATGTAAATT GCTATTTAAG1440
TGTAAGCAG TTCTAAGTTT TAGTATTTGG GGGATTGGTT TTTATTATTT TTTTCCTTTT1500
15 TGAAAAATAC TGAGGGATCT TTTGATAAAG TTAGTAATGC ATGTTAGATT TTAGTTTTGC1560
AAGCATGTTG TTTTTCAAAT ATATCAAGTA TAGAAAAAGG TAAACAGTT AAGAAGGAAG1620
GCAATTATAT TATTCTTCTG TAGTTAAGCA AACACTTGTT GAGTGCCTGC TATGTGCACG1680
GCATGGGCCC ATATGTGTGA GGAGCTTGTC TAATTATGTA GGAAGCAATA GATCTCGGTA1740
GTTACGTATT GGGCAGATAC TTAGTGTATG AATGAAAGAA CATCACAGTA ATCACAATAT1800
20 CAGAGCTGAG TTATCCCCAG TGTAGCTTCG TTGGGGATTC CAGTTTCTGG GAACGAGAGT1860
TAGGGCCATT TTATTTAAAA GAACTCCCG GTTGAGACCG GTTCTTATGA ACCTCTGAAA1920
CGTACAAGCC TTCACAAGTT TAACTAAATT GGGATTAATC TTTCTGTAGT TATCTGCATA1980
ATTCTTGTTT TTCTTTCCAT CTGGCTCCTG GGTTGACAAT TTGTGGAAAC AACTCTATTG2040
CTACTATTTA AAAAAAATCA GAAATCTTTC CCTTTAAGCT ATGTTAAATT CAAACTATTC2100
25 CTGCTATTCC TGTTTTGTCA AAGAATTATA TTTTTCAAAA TATGTTTATT TGTTTGATGG2160
GTCCCAGGAA AACTAATAA AAACCACAGA GACCAGCCCC AAAAAAAAAA AAGTTTTG 2218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 548:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2196 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 548

CGGCGCGATG CGCGGAGACC CCCGCGGGGG CGGCGGCGGC CGTGAGCCCC GATGAGGCCC 60
GAGCGTCCCC GGCCGCGCGG CAGCGCCCCC GGCCCGATGG AGACCCCGCC GTGGGACCCA 120
GCCCCGAACG ACTCGCTGCC GCCACGCTG ACCCCGGCCG TGCCCCCTA CGTGAAGCTT 180
55 GGCTCACCAG TCGTCTACAC CGTGTCTAC GCGCTGCTCT TCGTGTTTAT CTACGTGCAG 240
CTCTGGCTGG TGCTGCGTTA CCGCCACAAG CGGCTCAGCT ACCAGAGCGT CTTCTCTTT 300
CTCTGCCTCT TCTGGGCCTC CCTGCGGACC GTCCTCTTCT CCTTCTACTT CAAAGACTTC 360
GTGGCGGCCA ATTCGCTCAG CCCCTTCGTC TTCTGGCTGC TCTACTGCTT CCCTGTGTGC 420

CTGCAGTTTT TCACCCTCAC GCTGATGAAC TTGTACTTCA CGCAGGTGAT TTTCAAAGCC 480
AAGTCAAAAT ATTCTCCAGA ATTACTCAA TACCGGTTGC CCCTCTACCT GGCCTCCCTC 540
TTCATCAGCC TTGTTTTCTT GTTGGTGAAT TTAACCTGTG CTGTGCTGGT AAAGACGGGA 600
AATTGGGAGA GGAAGGTAT CGTCTCTGTG CGAGTGGCCA TTAATGACAC GCTCTTCGTG 660
5 CTGTGTGCCG TCTCTCTCTC CATCTGTCTC TACAAAATCT CTAAGATGTC CTTAGCCAAC 720
ATTTACTTGG AGTCCAAGGG CTCCTCCGTG TGTCAAGTGA CTGCCATCGG TGTCACCGTG 780
ATACTGCTTT ACACCTCTCG GGCCTGCTAC AACCTGTTCA TCCTGTCATT TTCTCAGAAC 840
AAGAGCGTCC ATTCCTTTGA TTATGACTGG TACAATGTAT CAGACCAGGC AGATTTGAAG 900
AATCAGCTGG GAGATGCTGG ATACGTATTA TTTGGAGTGG TGTATTTTGT TTGGGAACTC 960
10 TTACCTACCA CCTTAGTCGT TTATTTCTTC CGAGTTAGAA ATCCTACAAA GGACCTTACC1020
AACCCTGGAA TGGTCCCCAG CCATGGATTC AGTCCCAGAT CTTATTTCTT TGACAACCCT1080
CGAAGATATG ACAGTGATGA TGACCTTGCC TGGAACATTG CCCCTCAGGG ACTTCAGGGA1140
GGTTTTGCTC CAGATTACTA TGATTGGGGA CAACAACTA ACAGCTTCCT GGCACAAGCA1200
GGAACCTTGC AAAGACTCAA CTTTGGATCC TGACAAACCA AGCCTTGGGT AGCATCAGTT1260
15 AACAGTTTTA TGGACGATTC CTCAGATGAA AAGCTTCAGA AAAGCATAGT GACAGCTGAA1320
TTTTTAGGGC ACTTTTCCTT AAGAAATAGA ACTTGATTTT TATTTGTTAC AGGTTTCCAA1380
TGGCCCCATA GGAATAAGCA ATAATGTAGA CTGATAAACC CTTATTTTAG TACTAAAGAG1440
GGAGCCTTGC TATTTCAAGT GGTATAATTT AAACCTTTTA AAGAAAATCT GTACTTTTAT1500
AAAGATGTAT TTTGTATAAC TTAAATAATA ATGCTAAAGT ATACTAGGGT TTTTTTTTCT1560
20 TGAGAATGTT ACTGCAATCA TGTTGTAGTT TGCACAGACT TTTATGCATA ATTCACTTTA1620
AAAATATAGA ATATATGGTC TAATAGTTTT TTAAAGCTTT TGGACTAAAG TATTCCACAA1680
ATCTTACCTC TTTAGGTCAC TGATGGTCAC TCCGATTCTG AGTGCCACAT TGGTAGACTC1740
CTAAAATACA GTTGACAACCT TAGCCAATTG CAACTCCAGT GTTGATAATT AAAATGAAAT1800
GGTAAAGCAG CAGACTGTAA GGTCTTTAGA GATTTTTTTT TTAAGGTTCA GGCCGTAGGT1860
25 TCCTCAAGGA ATCTCTTAAG TTTTGCCCAA AGACTGGTAC TTCCTTTCAG TAGGGCGCTA1920
ATGTATACAC ATTAATGATA AGTTGATAAC ATTAAAAATG TAGCTGACTT ATCCTATTAA1980
ACCTCCTCTG CTATGTTTAC AGAACCCCCA TAACTTTTTT TCAGCCTAAT GAAATCTAAT2040
ATGCATTACC TCAGGGCCAC ATCAAGAATA CACCCCTTTC CGAACTCACT GAATGTTTAT2100
TACATTCAAG GAGAAAATAA GAGGGTCCAT AAAGGGCATT AATAACAAAT ACCCCAAGCC2160
30 GTTGAGCTAA GACTATGTGG AATCCTAATA GTTTTT 2196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 549:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 549

55

AATTAAAATA AATAGAAACA TACGGAGATT CTTTTATGTT GGATTTATTA TACCCTCCAC 60
CATTTTGGTC CCTGAAAAGG GAAAAGATAC ACGGTCGAGT AGTACAGGTA TGTGTTTCCC120
ACTACACATT ATGGCTATAA TGGAGTTGAA TTGCAAACAG TAAATTTTGT TTTTGGATTG180

GTTTCCCCTG ATCCCCCAG ACAGGAGCTT CCTCTCCCAC CCTACCTGCC TGCCCTTAAG240
TTGTGTCCTA TTAAACTGGA CACAAATCTC ACCGGCTTTT AGTCTAATAA TTGAATCATA300
GCTACACACA GTGACACCAG AATAGCTACT TGTTTTTTTA TGTTACCAGT GAGTAACTTG360
TTTATCCTTG TATGTAGAAA CTAATTTTAC CATGATCACA GATCTGTGTA ACATCTCTAG420
5 TTTGAATTTT CACACAATTT TAAAATGTCT ACTAGAAAAC TTACACCTTT TTGTTCCAAG480
GTGCTCTTCA TCTATAAAAC CGTGGGCATA CTTCAGTGTT CTTCTGAGGC CAAATTTTGT540
GGGTCGTGGG GGACAATTTT GTATTAACAT ACGTTATTTT GTAATTCATT CTCCAAATTT600
GAAGCTTTAT TAAAGGTATT CTATTTCCAC TGGCTTCCCT TAACTTGAAT AAAATTTACT660
CCCAGTGCCG TGGCTCATGC CTGCTGCAAT CCCAGCCCTT T 701

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 550:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2214 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 550

GCTAAAGAGG AGGATGCTAT ACTTTTCTAA ATGGCAAGAG ATGGGGAGAG AAGGGGATTA 60
AGAGTTGACC CGCAACCTCC CGGTGGATTC TTTGTTCTTA CCAGATCTCT TGGCCACTCC 120
CCTATTCTGA AGTCGTCTTG GCTCTCTTGA CTGCTCCCCT ATTCTGAAGT CGTCTTGGCT 180
CTCTTGACTA CTCCCCTATT CTGAAGTCGT CTTGGCTCTC CTGACTACAC TATTTCAAGG 240
AATGATCACC AAGACACACA AAGTAGACCT TGGGCTCCCA GAGAAGAAA AGAAGAAGAA 300
40 AGTGGTCAAA GAACCAGAGA CTCGATACTC AGTTTTAAAC AATGATGATT ACTTTGCTGA 360
TGTTTCTCCT TTAAGAGCTA CATCCCCCTC NTAAGAGTGT GGCCCATGGG CAGGCACCTG 420
AGATGCCTCT AGTGAAGAAA AAGAAGAAGA AAAAGAAGGG TGTCAGCACC CTTTGCGAGG 480
AGCATGTAGA ACCTGAGACC ACGCTGCCTG CTAGACGGAC AGAGAAGTCA CCCAGCCTCA 540
GGAAGCAGGT GTTTGGCCAC TTGGAGTTCC TCAGTGGGGA AAAGAAAAAN TAAGAAGTCA 600
45 CCTCTAGCCA TGTCCCATGC CTCTGGGGTG AAAACCTCCC CAGNACCCNT AGACAGGGTG 660
AGGAGGAAAC CAGAGTTGGC AAGAAGCTCA AAAAANCACA AGAAGGAAAA AAAGGGGGNC 720
CCAGGACCCC ACNAGCCTTC TCGGTCCAGG ACCCTTGGTT CTGTGAGGCC AGGGAGGCCA 780
GGGATGTTGG GGACACTTGC TNCAGTGGGG AAGAAGGATG AGGAACAGGC AGCCTTGGGG 840
NCAGAAACGG AAGNCGGAAG AGCCCCAGAG AACACAATGG GAAGGTGAAG AAGAAAAAAA 900
50 AAATCCACCA GGAGGGAGAT GCCCTCCAG GCCACTCCAA GCCCTCCAGG TCCATGGAGA 960
GCAGCCCTAG GAAAGGAAGT AAAAAGAAGC CAGTCAAAGT TGAGGCTCCG GAATACATCC1020
CCATAAGTGA TGACCCTAAG TCCTCCGCAA AGAAAAAGAT GAAGTCCAAA AAGAAGGTAG1080
AGCAGCCAGT CATCGAGGAG CCAGCTCTGA AAAGGAAGAC GAGGAAGAAG AGGAAAGAGA1140
GTGGGGTAGC AGGAGACCCT TGGAGGGAGG AAACAGACAC GGACTTAGAG GTGGTGTTGG1200
55 AAAAAAAGG CAACATGGAT GAGGCGCACA TAGACCAGGT GAGGCGAAAG GCCTTGCAAG1260
AAGAGATCGA TCGCGAGTCA GGCAAAACGG AAGCTTCTGA AACCAGGAAG TGGACGGGAA1320
CCCAGTTTGG CCAGTGGGAT ACTGCTGGTT TTGAGAACGA GGACCAAAAA CTGAAATTTT1380
TCAGACTTAT GGGTGGCTTC AAAAACCTGT CCCCTTCGTT CAGCCGCCCC GCCAGCACGA1440

5 TTGCAAGGCC CAACATGGCC CTCGGCAAGA AGGCGGCTGA CAGCCTGCAG CAGAATCTGC1500
AGCGGGACTA CGACCGGGCC ATGAGCTTGG AAGTACAGCC GGGGAGCCGG CTTCGGGTGT1560
TCTCCACCGC CCCCAACAAG ATCTTTTACA TTGACAGGAA CGCTTCCAAG TCAGTCAAGC1620
TGGAAGATTA AACTCTAGAG TTTTGTCCCC CCAAAACTGC CACAATTGCT TTGATTATTC1680
CATTATGCT GGAGATTACA AATTTTTTTT GGTGAACAAA TCAGATCTTG GTGAGGACCT1740
CGAGCAGTAA GATATAAATA ACTCCCNATA AGCTTAGNCG TTCCCAGTAA TGGAACACTA1800
GGCATAAANT GGTTTATTNC AGTTGTGCAA ATGAAAGCCA TCTGACAGTT GGCTNCACAT1860
TGAACACCTG TGGAGATTAA GGACGAGGAC AACTATATTG ATGGGCTTGG ATGAACTGGG1920
GCAGGGCAGC TCATATTTTCG GGAGCCAGGA GAACGAGTGA GTGCTAAAAC CTCCTGTTTT1980
10 CTGTGTTAAA CATTCCGTCC CTGTTTGAGA CATCAGTATG TACAGTTAAC TTTTGTTGAG2040
TGTTTAGCAG GTACTAGGGA CATACTAGTG TTTTCCTTAA TGTATTTAAT CTTCATAATT2100
ATGAAATGGG TGCTATTATT AGCCCCATCT TATAGATGAG GCAACTGAGG TTCAGGGATA2160
AAGTAATAAA ATTGCCTGGG GTCACCCAGC CACTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAA 2214

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1434 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 551

40 GCGCGGCCGG CGCCTGCGGG GCGAGAGGGT CGGGGCGAAG GGAAGCTAC GTCCCGGAGG 60
TGCGGTGTGG GGCACCGGGC GGGGCCGCGG GAACCGGCGC CCCACGGAGC TGCTGCTGTC 120
AGACCAACCC CGGGCCCCCA TCATCACTGC GCCGCGCTTT CAGGCGCCGA GAACTACCGT 180
TCCCGGCATG CCATGAAATT GGCTCGGCG CTGAGGCGGG GTCCGGCCCT CCACCCGCTC 240
CCGCCGCGCG CGAATCGCGG TCGCGAGCCA TGGAGGAGGA GGCATCGTCC CCGGGGCTGG 300
GCTGCAGCAA GCCGCACCTG GAGAAGCTGA CCCTGGGCAT CACGCGCATC CTAGAATCTT 360
45 CCCCAGGTGT GACTGAGGTG ACCATCATAG AAAAGCCTCC TGCTGAACGT CATATGATTT 420
CTTCCTGGGA ACAAAGAAT AACTGTGTGA TGCCTGAAGA TGTGAAGAAC TTTTACCTGA 480
TGACCAATGG CTTCCACATG ACATGGAGTG TGAAGCTGGA TGAGCACATC ATTCCACTGG 540
GAAGCATGGC AATTAACAGC ATCTCAAAC TGAATCAGCT CACCCAGTCT TCCATGTATT 600
CACTTCCTAA TGCACCCACT CTGGCAGACC TGGAGGACGA TACACATGAA GCCAGTGATG 660
50 ATCAGCCAGA GAAGCCTCAC TTTGACTCTC GCAGTGTGAT ATTTGAGCTG GATTCATGCA 720
ATGGCAGTGG GAAAGTTTGC CTTGTCTACA AAAGTGGGAA ACCAGCATTA GCAGAAGACA 780
CTGAGATCTG GTTCCTGGAC AGAGCGTTAT ACTGGCATT TCTCACAGAC ACCTTTACTG 840
CCTATTACCG CCTGCTCATC ACCCACCTGG GCCTGCCCCA GTGGCAATAT GCCTTCACCA 900
GCTATGGCAT TAGCCACAG GCCAAGCAAT GGTTCAGCAT GTATAAACCT ATCACCTACA 960
55 ACACAAACCT GCTCACAGAA GAGACCGACT CCTTTGTGAA TAAGCTAGAT CCCAGCAAAG1020
TGTTTAAGAG CAAGAACAAG ATCGTAATCC CAAAAAGAA AGGGCCTGTG CAGCCTGCAG1080
GTGGCCAGAA AGGGCCCTCA GGACCCTCCG GTCCCTCCAC TTCTCCACT TCTAAATCCT1140
CCTCTGGCTC TGGAAACCCC ACCCGGAAGT GAGCACCCCT CCCTCCAAC CCCTACCAGC1200

TCCAGAGTGG TGGTTTCCAT GCACAGATGG CCCTAGGGGT GACCTCCAGT TTTGCGTGTG1260
GACCGTAGGC CTCTTTCTAG TTGAATGACC AAAATTGTAA GGCTTTTAGT CCCACCGACA1320
TTAGCCAGGC TCGTAGTGAG GCCTCCAGAG CAGGTGTGTC TGTCCCCTGC CTCTGGAAGC1380
AATGGGGAAT GTGGAATCAA GACAATGCCC AAAAAATTTT TAATGCAGCT GGTC 1434

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 552:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 552

30 CCCGGAGAAG GTGGAGGGAG ACGAGAAGCC GCCGAGAGCC GACTACCCTC CGGGCCCAGT 60
CTGTCTGTCC GTGGTGGATC TAAGCCTCAT CTGTATCCTC TTGTGATGGC GTGAAGGAAA 120
GCCATGGCAG ATTTCCAGCC TGGTGATGCT GTACAGAACA CAGGTGGCCT GCTTCCATGC 180
CTCCTCAGCT TCAAGAACT AGAATGAACC GAAGCATTCC TGTGGAGGTT GATGAATCAG 240
AACCATAACC AAGTCAGTTG CTGAAACCAA TCCCAGAATA TTCCCCGGAA GAGGAATCAG 300
35 AACCACCTGC TCCAAATATA AGGAACATGG CACCCAACAG CTTGTCTGCA CCCACAATGC 360
TTCACAATTC CTCCGGAGAC TTTTCTCAAG CTCACTCAAC CCTGAAACTT GCAAATCACC 420
AGCGGCCTGT ATCCCGGCAG GTCACCTGCC TGCGCACTCA AGTTCTGGAG GACAGTGAAG 480
ACAGTTTCTG CAGGAGACAC CCAGGCCTGG GCAAAGCTTT CCCTTCTGGG TGCTCTGCAG 540
TCAGCGAGCC TCGTCTGAG TCTGTGGTTG GAGCCCTCCC TGCAGAGCAT CAGTTTTTCAT 600
40 TTATGGAAA ACGTAATCAA TGGCTGGTAT CTCAGCTTTC AGCGGCTTCT CCTGACACTG 660
GCCATGACTC AGACAAATCA GACCAAAGTT TACCTAATGC CTCAGCAGAC TCCTTGGGCG 720
GTAGCCAGGA GATGGTGCAA CGGCCCCAGC CTNCACAGGA ACCGAGCAGG CCTGGATCTG 780
CCAACCATAG ACACGGGATA TGATTCCCAG CCCCAGGATG TCCTGGGCAT CAGGCAGCTG 840
GAAAGGCCCC TGNCCCTCAC CTCCGTGTGT TACCCCCAGG ACCTCCCCAG ACCTCTCAGG 900
45 TCCAGGGAGT TCCCTCAGTT TGAACCTCAG AGGTATCCAG CATGTGCACA GATGCTGCCT 960
CCCAATCTTT CCCCACATGC TCCATGGAAC TATCATTACC ATTGTCCTGG AAGTCCCGAT1020
CACCAGGTGC NCATATGGCC ATGACTACCC TCGAGCAGCC TACCAGCAAG TGATCCAGCC1080
GGCTCTGCCT GGGNCAGCCC CTNNGCCTGG AGCCAGTGTG AGAGGCCTGC ACCCTGTGCA1140
GAANNGGTTA TCCTGAATTA TCCCAGCCCC TGGGACCAAG AAGAGAGGCC CGCACAGAGA1200
50 GACTGCTCCT TTCCGGGGCT TCCAAGGCAC CAGGACCAGC CACATCACCA GCCACCTAAT1260
AGAGCTGGTG CTCCTGGGGA GTCCTTGGAG TGCCCTGCAG AGCTGAGACC ACAGGTTCCC1320
CAGCCTCCGT CCCCAGCTGC TGTGCCTAGA CCCCCTAGCA ACCCTCCAGC CAGAGGAACT1380
CTAAAACAA GCAATTTGCC AGAAGAATTG CGGAAAGTCT TTATCACTTA TTCGATGGAC1440
ACAGCTATGG AGGTGGTGAA ATTCGTGAAC TTTTGTGG TAAATGGCTT CCAAAGTGA1500
55 ATTGANCANT ATTTGAGGAT AGAATCCGAG GCATTGATAT CATTNAAATG GATGGAGCGC1560
TACCTTANGG GATAAGACCG TGATGATAAT CGTAGCAATC AGCCCNAAA NTACAAANNC1620
AGGACGTNGG NAAGGNCGCT GANGTCNGCA GCTGGACGAG GATGAGCATG GCTTACATAC1680
TAAGTACATT CATCGAATGA TGCAGATTGA GTTCATAAAA CAAGGAAGCA TGAATTTTCAG1740

ATTCATCCCT GTGCTCTTCC CAAATGCTAA GAAGGAGCAT GTGCCCACCT GGCTTCAGAA1800
CACNTCATGT CTACAGCTGG CCCAAGAATN AAAAAAACA TCCTGCTGCG GCTGCTNGAG1860
AGAGGAAGAG TATGTGGCTC CTCCACGGGG GCCTCTGCCC ACCNCTTCAG GTGGTTCCCT1920
TGTGANACACC GTTCATCCCC AGATCACTGA GGCCNAGGCC ATGTTTGGGN GCCTTGTTCT1980
5 GNACAGCATT CTGGCTGAGG CTNGGTCGGT AGCANNCTCC TGGCTGGTTT TTNTTCTGTT2040
CCNTCCCCGA NGAAGCCCTC TGGNNCCCCC ANGGAACCT GTTGTGCAGA GCTCTTCCCC2100
GGAGACCTCC NACACANCCC TGGNCTTTGA AGTGGAGTCT GTGNACTGNC TCTGCATTNC2160
TCTGCTTTTN AAAAAAACA TTGCAGGTGN CCAGTGTCCC ATATGTTNCC TCCTNGACAG2220
NTTTGATGTN GTNCCATTCT NGGGCCTCTC AGTGCTTAGC AAGTAGATAA TGTAAGGGAT2280
10 GTNGGCAGCA AATGGAAATG ACTACAAACA CTCTCCTATC AATCACTTCA GGCTACTTTT2340
ATGAGTTAGC CAGATGCTTG TGTATCCTCA NGACCAAACCT GATTCATGTA CAAATAATAA2400
AATGTTTACT CTTTTGTAAA AAAAAAAAAA AAAA 2434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 554:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1457 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 554

ACTAACCCAG AGTTGTGGCA TTATTAATTA TCACTGGTCT TCTTAATCGT AAAACGGGGG 60
ACCCAGAGG CAAGGAAATT TCCATTACCC TATATTGGGC TTAAACTTAA AGGAGTATAT 120
40 CCACTATCAA GAGCTTAGTA CAAAGGCTGG GGTGAAGTTA CATTATACCT GGGCGTTTAA 180
CCATACCAGG GACCCACCT CAACAATGAC TGTGGAAGAC CAAAGGAGAT ACCTAGGTTC 240
AGATTATAAT AAATCACCCA GCACCACCTG AATGTATTAT CCACAAAGAT ATAGCAATAA 300
TAAAGGTTAT ATATACATAT ATTTATCTTG GTAACCTGAG GGCTAAAAAC GTGGAATACG 360
ATAATTCTTC TCAAGAGGTC CATCTGTAAG AAAGGGACCC AAAAGGACAG TGTTTGTGTT 420
45 GCATAAAATA TGGGTAAAGT GGAGTTGGGA ACAAAGGGTG GTTTCTTTAG CTCTTTCCAC 480
ATCTCTCTTT GATAAGGACT GAAACCCTGT TGATTCATGA TAAACGTTTC CTTTTTTTTT 540
TTTTTTGGCA GCGGGGAGAG GGAAAGAGGA GGAAATGGGG TTTGAGGACC ATGGCTTACC 600
TTTCCTGCCT TTGACCCATC ACACCCCAT TCCCTCTCTT TCCCTCTCCC CGCTGCCAAA 660
AAAAAAAAAA AGGAAACGTT TATCATGAAT CAACAGGGTT TCAGTCCTTA TCAAAGAGAG 720
50 ATGTGGAAAG AGCTAAAGAA ACCACCCTTT GTTCCCAACT CCACTTTACC CATATTTTAT 780
GCAACACAAA CACTGTCCTT TTGGGTCCCT TTCTTACAGA TGGACCTCTT GAGAAGAATT 840
ATCGTATTCC ACGTTTTTAG CCCTCAGGTT ACCAAGATAA ATATATGTAT ATATAACCTT 900
TATTATTGCT ATATCTTTGT GGATAATACA TTCAGGTGGT GCTGGGTGAT TTATTATAAT 960
CTGAACCTAG GTATATCCTT TGGTCTTCCA CAGTCATGTT GAGGTGGGCT CCCTGGTATG1020
55 GTAAAAAGCC AGGTATAATG TAACTTCACC CCAGCCTTTG TACTAAGCTC TTGATAGTGG1080
ATATACTCTT TTAAGTTTAG CCCCAATATA GGGTAATGGA AATTTCCTGC CCTCTGGGTT1140
CCCCATTTTT ACTATTAAGA AGACCAGTGA TAATTTAATA ATGCCACCAA CTCTGGCTTA1200
GTTAAGTGAG AGTGTGAAC GTGTGGCAAG AGAGCCTCAC ACCTCACTAG GTGCAGAGAG1260

CCCAGGCCTT ATGTTAAAAT CATGCACTTG AAAAGCAAAC CTTAATCTGC AAAGACAGCA1320
GCAAGCATT A TACGGTCATC TTGAATGATC CCTTTGAAAG TTTTTTTTGT GTTGGTTTGG1380
TTTAAAATCA AGCCTGAGGC TGGGTGGAAA CAGGTAGCCT ACACACCCCA AATTGGGGGT1440
GGTCCCGGGG GAATGTT 1457

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 555:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 741 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 555

30

CCTCCTAAAA GACTGGGAAA GCAGCTTTGG GCTTTGGGTC CTCCTAAAAA AACCAAGGCG 60
GATGACTTGG GGTTTGGATC CCCTTCGGAT GTCACCTGAA AAAGCCTTAG CAGACCTGAT120
TGAGAAGGAA CTGTCCCGTT CAAAGACCAA CCTTCCCTTT CGCCCCACAT CTCTTCAGAA180
CTCCTCTTCA CACACTACAA CCGCCAAAGG TCCCAGGCTC TGGATTCTTG CATCCTGCTG240
CAGCTACAAA TGCCAATTCT CTAAATAGTA CCTTTTCAGT CTTGCCCCAG AGGTTCCCTC300
AATTTTCAGCA GCACCGAGCG GTTTATAATT CATTCAGTTT TCCAGGCCAG GCAGCCCGCT360
ATCCTTGGAT GGCCTTTCCA NCGCAATAGC ATCATGCNAC TTGAACCACA CAGCAAACCC420
CACCTCAAAT AGTAATTTCT TGGACTTGAA TCTCCCGCCA CAGCACAACA CAGGTCTGGG480
AGGGATCCCT GTAGCAGGGG AAGAAGAGGT GAAGGTTTCG ACCATGCCAC TGTCAACCTC540
TTCCCATTTCA TTACAACAAG GACAGCAGCC TACAAGTCTC CACACTACTG TGGCCTGACA600
40 ACAGAACTGA GAGGAGAGGA TTAGACTCTG GGGTGCTTGC ATGGGCAACT GGATTTTTCG660
ATGATTCCTT TATGATTTTG CTTTAAATGT ATACACCCAG AAGAGCCAAT ATAAACGTTC720
CTCATGCCTA AAAAAAAAAA A 741

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 561:

45

(A) LÄNGE: 470 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

10 TDQPNIQSVK IHSPLRNPN KGCECPRRD GEGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPKGTV SFHSHSDHRE LGTVEKEATF SNP KTTSPNK120
10 GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFQAKDVE GSTSPQIGDK VEFISDKQR PGQQVATCVR180
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVSLEL GDMVEYSLSK240
GKGNKVSAEK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300
GEVYPFGIVG MANKGDCLQK GESVKFQLCV LGQNAQT MAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360
15 NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVILNQRTG KCSACNVWRV CEGPKAVAAP420
RPDRLVNRLK NITLDDASAP RLMVLRQPRG PDNSMGFGAE RKIRQAGVID 470

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 562:

20 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

35 LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60
LPFLQAIPFV GHPNDAKWID LTFHIALLHN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120
LSNAIH 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 563:

40 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

KSHTSCNLLS RPLEVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 564:

(A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTQDN LDLANVNLML 60
ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKVYEYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQRSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360
TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480
SLYLYYKGLS KTLTTFKFDT VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540
GTIKVLELV 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 565:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

TLYFVYIDMC NSQRGWEIRT LQIIHCYIIV HICYFVTFVF SFVFFFFFFF FFCGSINFYC 60
FVIYFYSKEF VLSQKLDNT TKSSNVHGVV LMVESWLGIP NVPKVIKEGK EKKKKIFKTN120
PKPMMTLGRD IT 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 566:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

20 GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60
SSCFFECTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 567:

- (A) LÄNGE: 331 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

40 SANHKLEVNG TDGLAPVEVE ELLRQASERN SKSPTEYHEP VYANPFYRPT TPQRETVTPG 60
PNFQERIKIK TNGLGIGVNE SIHNMGNLS EERGNNFNHI SPIPPVPHPR SVIQQAEK120
HTPQKRLMTP WEESNVMQDK DAPSPKPLRS PRETIFGKSE HQNSSPTCQE DEEDVRYNIV180
HSLPPDINDT EPVTMIFMGY QQAEDSEEDK KFLTGYDGII HAELVVIDDE EEEDEGEAEK240
45 PSYHPIAPHS QVYQPAKPTP LPRKRSEASP HENTNHKSPH KNSISLKEQE ESLGSPVHHS300
PFDAQTTGDG TEDPSLTALR MRMAKLGKKV I 331

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 568:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

LSLTSRMEEA ELVKGRQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180
15 AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 569:

20 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

35 LEKLHICFPQ LFGNFSQIMT TTYSHGLIWY TVMIIFWTSE KINKISRREI CKCFLVSSSK 60
DVIYGGTTLR SPFFPALPFS SLKLLRMDPQ SHLQLSEHQM GNGGQGCLSF LLALSEIWNF120
CGGIYDLCFH ED 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 570:

40

(A) LÄNGE: 199 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

5 NEVTPWSFWW WTKLTFFFPL ALKKSSRVSS SHLPRIYQAF LMSATFNEDV QALKELILHN 60
PVTCLKQESQ LPGPDQLQQF QVVCETEEDK FLLLYALLKL SLIRGKSLLF VNTLERSYRL120
RLFLEQFSIP TCVLNGELPL RSRCHIISQF NQGFYDCVIA TDAEVLGAPR QRAMRPRRRA180
KTGTMASREL ERTVVALGH 199

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 571:

10 (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRL L QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLRDS LELLVVDEAD180
30 LLFSFGFEEE LKSL L 195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 572:

35 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

50 DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60
RLPGARAGPS QEVL PF 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 573:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

DSQVGRGPQR NSSLHTGRSV HWGEATGSLR HLQWGRAQPL LFLGGKLRFK LPGGKSMGRK60
QALXLLRVSV SPFFPLCLIN KFHFHPSNS L 91

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 574:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

EKWNLLIRHK GKKGETETLS KXRACFLPMD EPPGSLNRSF PPRKRRGWAL PHWRWRKLPV60
ASPQCTLLPV CRLEFLWGPL PTWLSHCPL 89

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 575:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

5

LIRCLRLFSH HVMERKLSTS FLRLPATQLL IHIWSEPWYP STIHARKLDV YSLPFFPLFG60
DFLLSSAEDG VLVCPMATKI 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 577:

10

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

LLPLLLLLLIH GDTPIXGPGPX XQEQAPNHRH GLEEXRISXK SCMGXVDWNG PEGVEIYVDG 60
KEPHNKSQSS QLGFKTNGHX KSSEXVXHDV LDNRKEAGVK VKEGHEHQNQ QDPASELHVL120
FGGALTHGGD ARKHALPFRT GFSRSTQOPP PRARFLPLCR T 161

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 578:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

QTDNLSEKQP XGKXVCRGCP QGECSWERAV LLXPGRPALS XTLLXKXAPC EVNWVXVRGS 60
XXCXGAPAXT PXPXQORXAAS AXAGLEXSXA XAGXAGCCCX GLPXVWSXLA LPTASLEASX120
XPRPAASPRT SCPSTLPQAT KTPRVLPNKX XLGTXSKLIF 160

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 579:

- (A) LÄNGE: 437 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

SQGVLS SDGV WRVKSIPNGK GSSPLPTATT PKPLIPTEAS IRVWGTS GTS HLHPRSICMI 60
QKYNHDGEAG RLEAFS QGES VLKEPKYQEE LEDRLHFYVE ECDYLQGFQI LCDLHDGFSG120
VGAKAAELLQ DEYSGRGIIT WGLLP GPYHR GEAQRNIYRL LNTAFGLVHL TAHSSLVCPL180
20 SLGGS LGLRP EPPVSFPYLH YDATALPFHCS AILATALDTV TVPYRLCSSP VSMVHLADML240
SFCGKKV VTA GAIIPFPLAP GQSLPD SLMQ FGGATPWTPL SACGEP SGTR CFAQSVVLRG300
YRQSM PHKPQ NQRDTSTLCP SCMYHWGRNL GSVFTTAAAW SHEFFPSAAD SLQGGSSLPP360
PLLKLQSTGY GSGWFPQGS R SSVLSL PQQ WRASQCLGHC VPLRPCTR PW KPWPETSPNS420
TCGAGPASWM LEWSTMT - 437

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 580:

(A) LÄNGE: 277 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

45 TERLLLDGPP PHSPETPQFP PTTGAVLYTV KRNQVGPEVR SCPKASPR LQ KEREQKAVS 60
ESEALMLVWD ASET EKLP GT VEP PASFLSP VSSKTRDAGR RHVSGKPD TQ ERWLPSSRAR120
VKTRDR TCPV HESPSGIDTS ETSPKAPRGG LAKDSGTQAK GPEGEQQPKA AEATVCANNS180
KVSSTGEKVV LWTREADRVI LTMCQE QGAQ PQT FNII SQ LGNKTPAEVS HRFRELMQLF240
HTACEASSED EDDATSTSNA DQLSDHGDLL SEEELDE 277

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 581:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

15 FPESHSSSSS SDRRSPWSDS WSALLVLVAS SSSSELASQA VWKSCSSRK RWETSAGVLF 60
PSCWEMMLKV CGCAPCSWHM VRITRSASLV HRTTFSPVEL TLLLLAHTVA SAAFGCCSPS120
GPLACVPLSL AKPPLGALGE VSEVSIPDGD SWTGHVLSLV FTLALLEGSH LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 582:

20 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

35 EFPPGLTEPT AVRALARARR TRAGSASDPE RSPGAMALSE LALVRWLQES RRSRKLILFI 60
VFLALLLDNM LLTVVVPPIIP SYLYSIKHEK NATEIQTARP VHTASISDSF QSIFSYDENS120
TMVTGNATRD LTLHQATATQH MVTNASAVPS DCPSEDKDLL NENVQVGLLF ASKATVQLIT180
NPFIGLLTNR IGYPIPIFAG FCIMFVSTIM FAFSSSYAFL LIARSLQGIG SSCSSVAGMG240
40 MLASVYTDDE ERGNVMGIAL GGLAMGVLVG PPFGSVLYEF VGKTAPFLVL AALVLLDGAI300
QLFVLQPSRV QPESQKGTPL TTLLKDPYIL IAAGSISFAN MGIAMLEPAL PIWMMETMCS360
RKWQLGVAFL PASISYLGIT NIFGILAHKM GRWLCALLGM IIVGVLSILCI PFPKNIYGLI420
APNFGVGFAN GMVDSSMMPI MGYLVDLRHV SVYGSVYAIA DVAFCMGYAI GPSAGGAIK480
AIGFPWLMTI IGIIDILFAP LCFFLRSPPA KEEKMAILMD HNCPIKTKMY TQNNIQSYPI540
45 GEDEESED 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 583:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

50 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

YLLSHWNQYF WDTCTQNGEV ALCSSGNDNC WSQHFMYSIS KKHLWTHSSE LWSWECKWNG 60
GFVNDAYHGL PRRPAARVRL WECVRHCGCG ILYGVCYRSF CWWCYCKGNW ISMAHDNYWD120
N 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 584:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

DGGSVHWPGR LDFCSILLML NAVQITWDDG DHDSEQHVVO QQRQEHDEQD ELPRAAALLQ 60
PADQRQLAQG HGSGAPLGVA CAACPGPPCP RQRPHRGLR QSGREF 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 585:

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 585:

KSRLSVTLMP VQLSEHPEWN ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFEFG 60
AAILWLLCSH RPAPGRPPTH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTAG IRYRIAVIAD120
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGLGKE240
5 WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300
QRWFFLPRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIAS SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360
TDDQIIVALK SEEDSGRVS YIMAFTLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 586:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 586:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQQEAPVQRE GHVGGDSAA VLLGFEGHND 60
LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVLLAV ALLAGAAARQE120
EPALQRVTPA GRIMDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180
30 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHFG HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240
FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 587:

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 587:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSEAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPHSNYL TPTPTLTPTP PRDRQGCHGG PEGAGSGCPC120
AGPSQTSPL KLKHSCEEGS EEGPLSHGCL FPPLCHR 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 588:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

NTMAVAAVKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120
TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 589:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60
RSLKVFENFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120
YVAIIVIW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 590:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

10 KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 591:

15 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

30 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLEFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 592:

35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLALLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFP 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 593:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLALLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 594:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

TPALRARSRLR DRCARAPCPH GGQQRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT 60
KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLPIFKLK ESTVRRRYSD120
FEWLRSELER ESKVVVPPLP GKAFRLRQFL EEMMEYLM TI LLRKENKGWS SL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 595:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

10 SAAGCQPRSP PFRSCCRRR GLPPPPRSA AAAGAAARRG DTGLARSGRE ENEHVERAFT 60
PHAKLLPAPL KLPPSPGEEK RLTSWNATPG SREARPLGR GTADWGVRRS GVMGLGVANR120
FRPDYSA 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 596:

15 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

30 FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60
VIQVLR LGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPALLPAVGT RGSRAAVAKR120
TST 123

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 597:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120

LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDPKP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240
KKAYDYFOAK KIPIVPSLAD AS 262

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 598:

KGWRSDFTVG GRQRDGQHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60
RGSRS 65

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 599:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60
EEQ 63

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

(A) LÄNGE: 336 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 600:

KLNFNTMRCC HICKLPGRVM GIRVLRSLV VILVLLLVAG ALTALLPSVK EDKMLMLRRE 60
IKSQGKSTMD SFTLIMQTYN RTDLLLKL N HYQAVPNLHK VIVVWNNIGE KAPDELWNSL120
GPHPIPVIFK QQTANRMRNR LQVFPELETN AVLMVDDDTL ISTPDLVFAF SVWQQFPDQI180
15 VGFVPRKHVS TSSGIYSYGS FEMQAPGSGN GDQYSMVLIG ASFFNSKYLE LFQRQPAAVH240
ALIDDTQNC DDIAMNFIIAK HIGKTSGIFV KPVNMDNLEK ETNSGYSGMW HRAEHALQRS300
YCINKLVNIY DSMPLRYSNI MISQFGFPYA NYKRKI 336

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

20

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 601:

HALKILQHYD FPVWFSICQL QKKNIKVKQT KTNLKTAWHL SSFSMLCIFL SNIMNFIYSR 60
SLYNRKKS AV LLGYKIHITF ESQEVGLIQL GLLMKSFHPG I 101

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 602:

5 FKSFNKRSVL LYVCIMRVKE SMVDLPWDFI SLRNMSILSS LTLGSKAVKA PATSNNTTRMT60
TKDNRSTRIP ITLPGSLQMW QHLIVLKFN 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

10 (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 603:

25 IYGVSFLLIFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIHVVV IFSSQFLLVS PFPGSFLLLL 60
LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQAPV GSGPVLRLPR SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA120
ACPSEALLSP PGSHGWFLS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ 163

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 604:

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXKKQIRX FDXKXNRPXK 60
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXKQSDID VXRIYTVXRN XXXXFXKNRN120
50 TXWXXFYHXX YTFSLWXNL TKLXFKIKLM 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 605:

15 LDFKXQFCES IXPQAKCVXX MIKXXPXXIP VFLKXVPXIS XHCIYPXDIN XTLESFYSSN 60
KVGTDLSTTN LPSXCLASXP CSAPGXXPLX XPVXFXVKXP NLLLAFSW 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

20 (A) LÄNGE: 203 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 606:

GPSALVHSVR PDLCSNPLSC GSLACMAYTG ELGLWAVQTQ GSHFAFPLLS PFSILALRQN 60
FSQRRTLCCP RSAVILPFLP SFHPSSAQMK SSRNSSFLPL WDSETGNLQG GVFPSPFLFLF120
STPRGTAAV PTSGTELHTI VGKLQGPLL VLRÄHLCYWS FWQKRKMIEP RVAPECSSLT180
40 VEGPKLVFRA HPRREVIRCH AFC 203

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 607:

EVRQKEWCLL WSFPFPGAGL CAKLGPQHIW STLLVGARPE HLTQPVHTAP RVPPLSQAGP 60
TAPGSADKGM ACPLRCQNSI QKAPPQVDVV PGAGEESGTT TLAVNLSNRG LGFLVAASCP120
GLEVHRSRGV PLGTKDMPHW GCNGEKSGKL GAQL 154

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 608:

CGVLSLRWVQ QPWFLWGLRI RIVGREKLLL EDFLSQSPRE VERRNFCWTS SGQRKDGMLKV 60
EKAELQLSGD NKEFFSGKSF VLEQGWKMGT TKEKQSVTLG FGQPRGPAPQ YKPYPGTHR120
RVD 123

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 609:

50

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60
ESFRRLLHKYV LCTCPMLGMR KIIVIDKT 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 610:

SCFHKLSTQE PDGKKKNKYA DNYRKINPNL VKLVKACTFQ RFIRTGLNRE FLLNKMALTL60
VPRNWN PQRS YTG DNSALIL 80

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 611:

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWLFLQ60
PFHSRAIFAK E 71

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

- (A) LÄNGE: 395 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 612:

APMRPERPRP RGSAPGPMET PPWDPARNDP LPPTLTPAVP PYVKLGTLTVV YTVFYALLFV 60
FIYVQLWLVL RYRHKRLSYQ SVFLFLCLFW ASLRTVLEFS YFKDFVAANS LSPFVFWLLY120
CFPVCLQFFT LTLMNLYFTQ VIFKAKSKYS PELLKYRLPL YLASLFISLV FLLVNLTCAV180
10 LVKTGNWERK VIVSVRVAIN DTLFVLCVAVS LSICLYKISK MSLANIYLES KGSSVCQVTA240
IGVTVILLYT SRACYNLFIL SFSQNKSVHS FDYDWINVSD QADLKNQLGD AGYVLFQVVL300
FVWELLPTTL VVYFFRVRNP TKDLTNPGMV PSHGFSPRSY FFDNPRRYDS DDDLAWNIAP360
QGLQGGFAPD YYDWGQQTNS FLAQAGTLQR LNFGS 395

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(A) LÄNGE: 213 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 613:

ARCAETPAGA AAAVSPDEAR ASPAARQRPR PDGDPVAVGPS PQRLAAGAHAD PGRAPLREAW 60
PHRRLHRVLR AALRVHLRAA LAGAALPPQA AQLPERLPLS LPLLGLPADR PLLLLLQRLR120
35 GGQFAQPLRL LAALLLPCVP AVFHPhADEL VLHAGDFQSQ VKIFSRITQI PVAPLPGLPL180
HQPCFPVGEF NLCCAGKDGK LGEEGYRLCA SGH 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

40 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 614:

LG FENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPQGGPEEA 60
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE AKLHVGGHGR GQRGRQRVVA120
GWVPRRGLHR AGGAAARPGT LGPHRGSRPP PPRGSPRIA P 161

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

10

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 615:

25

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

30

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 616:

45

VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFHTIL KCLLENLHLF VPRCSSSIKP WAYFSVLLRP60
NEVGRGGQFC INIRYFVIHS PNLKLY 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

50

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 617:

RMLIQNCPPR PTKFGLRRTL KYAHGFIDEE HLGTKRCKFS SRHFKIVWKF KLEMLHRSVI60
MVKLVSTYKD KQVTHW 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 618:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSLQGSPA120
TPLSFLFFLV FLFRAGSSMT GCSTFFLDFI FFFAEDLGSS LMGMYSGAST LTGFFLLPFL180
GLLSMDLEGL EWPGRASPSW WIFFFFTFP LCSLGLFRLP FLXPRLPVPH PSSPLXQVSP240
TSLASLASQN QGSWTEKAXG VLGPPFFPSC XFLSFLPTLV SSSPCLXVLG RFSPQRHGTW300
LEVTSXFFFS PLRNSKWNT CFLRLGDFSV RLAGSVVSGS TCSSQRVLTP FFFFFFFFTR360
GISGACPWAT LLXGGCSS 378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 619:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

5

GTGSLGXRNG XRKSPREHNG KVKKKKKIHQ EGDALPGHSK PSRSMESSPR KGSKKKPKVKV 60
EAPYIPISD DPKSSAKKKM KSKKKVEQPV IEEPALKRKT RKKRKESGVA GDPWREETDT120
DLEVVLEKKG NMDEAHIDQV RRKALQEEID RESGKTEASE TRKWTGTQFG QWDTAGFENE180
DQKLKFLRLM GGFKNLSPSF SRPASTIARP NMALGKKAAD SLQQLQRDY DRAMSLEVQP240
10 GSRLAVFSTA PNKIFYIDRN ASKSVKLED 269

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 620:

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

30

VRVCFLLPPRV SCYPTLFPLL PRLPFQSWLL DDWLLYLLFG LHLFLCGGLR VITYGDVFRS 60
LNFDWLLFTS FPRAALHGPGL GLGVAWEGIS LLVDFFFLH LPIVFSGALP XSVSXPKAAC120
SSSFPTXAS VPNIPGLPGL TEPRVLDREG XWGPGXPFFS FLXFFELLAN SGFLLTLSXG180
XGEVFTPEAW DMARGDFLXF LFPTEELQVA KHLLEAG 218

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 621:

40

(A) LÄNGE: 389 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCQ TNPGRPSSLR RAFRRRELPF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLTDTFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300
YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FSKSNKIVIP KKKGPVQPAG360
5 GQKGPSGPGSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 622:

- 10 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

25 ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 623:

- 30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

45 RSAGGFSSMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVSFS RCGLLQPSPG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60
GPD PASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 624:

- 50 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

15 CCTEHRWPAS MPPQLQETRM NRSIPVEVDE SEPYPSQLLK PIPEYSPEEE SEPPAPNIRN 60
MAPNSLSAPT MLHNSSGDFS QAHSTLKLAN HQRPVSRQVT CLRTQVLEDS EDSFCRRHPG120
LGKAFPSGCS AVSEPASESV VGALPAEHQF SFMEKRNQWL VSQLSAASPD TGHDSKSDQ180
SLPNASADSL GGSQEMVQRP QPXQEPSRPG SANHRHGI 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 625:

20

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

35

NLQITSGLYP GRSPACALKE WRTVKTVSAG DTQAWAKLSL LGALQSASLR LSLWLEPSLQ 60
SISFHLWKNV INGWYLSFQR LLLTLAMTQT NQTKVYLMPQ QTPWAVARRW CNGPSLHRNR120
AGLDLPTIDT GYDSQPQDVL GIRQLERPLX LTSVCYPQDL PRPLRSREFP QFEPQRYPAC180
AQMLPPNLSP HAPWNYHYHC PGSPDHQVXI WP 212

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 630:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

5

FMINVSFFFF LAAGRGKEEE MGCDGSKAGK VSHGPQTPFP PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ 60
QGFSFYQREM WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSPOVT120
KINICIYNLY YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SLLRWGPWYG KTPRYNVTSP180
QPLY 184

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 631:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

30

GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKE TFIMNQOGFS PYQREMWKEL KKPPFVFNST 60
LPIFYATQTL SFWVPFLQMD LLRRIIVFHV FSPQVTKINI CIYNLYCYI FVDNTRWCW120
VIYYNLNLGI SFGLPQSC 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 632:

35

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

50

WVKGRKGKPW SSNPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 633:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

RNHAKIQLPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSGMV ETFTSSSPAT 60
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWEK XHDAIAXERP SKDSGLPGLE N 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 634:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

LRRNCPVQRP TFPFAPHLER TPLHTLQPPK VPGSGFLHPA AATNANSLNS TFSVLPQRF60
QFQQHRAVYN SFSFPGQAAR YPWMAFPXQ 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 635:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

FIQFSRPGSP LSLDGLSXAI ASCXLNHTAN PTSNSNFLDL NLPPQHNTGL GGIPVAGEEE60
VKVSTMPLST SSHSLQQGQQ PTLHTTVA 89

10

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1 - 126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

5

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

10

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

20

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.

25

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.

35

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.

40

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.

45

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Endometriumtumor.

5

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor.

10

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.

15

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

20

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

25

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.

30

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 35, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

35

37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

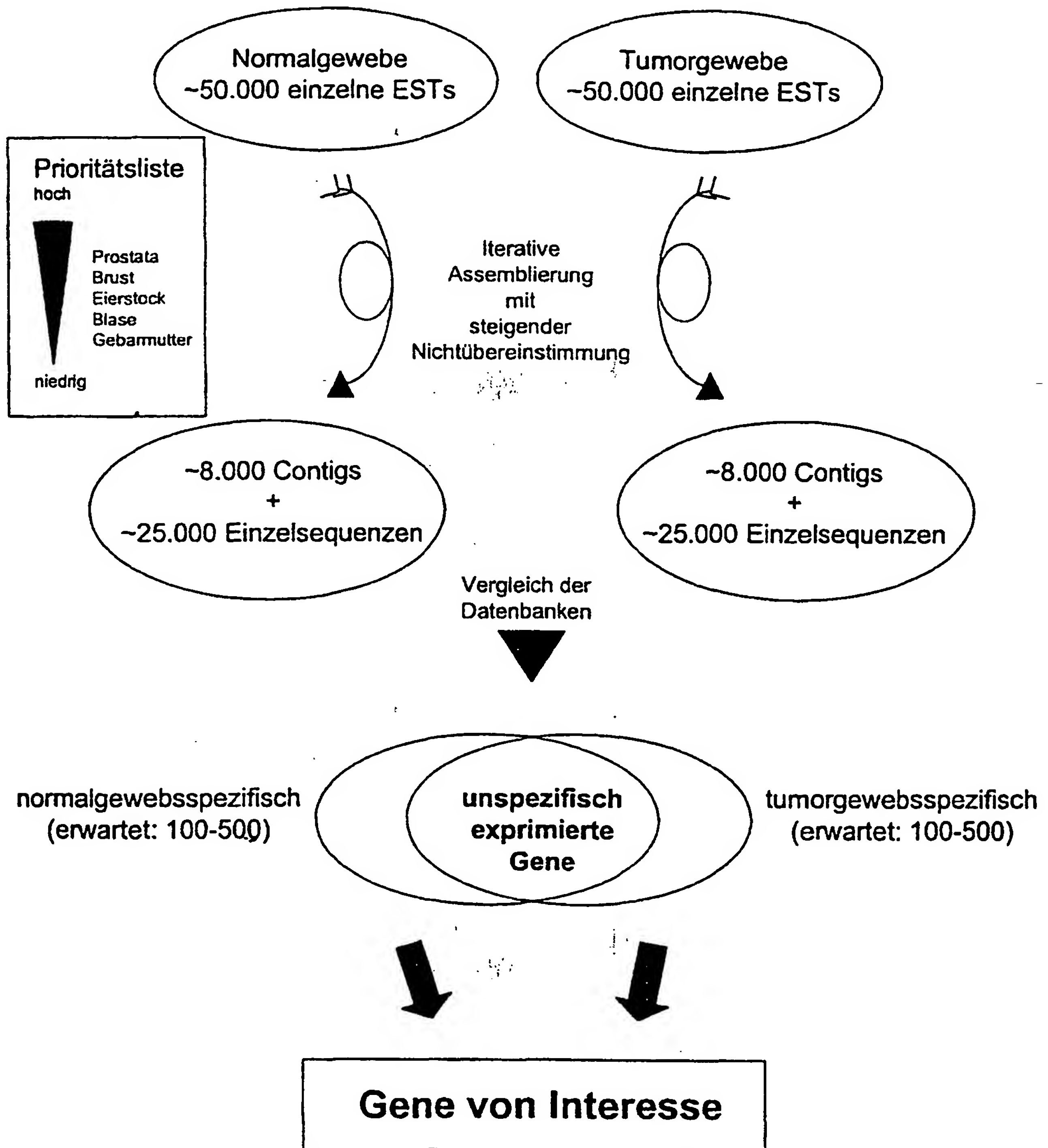


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

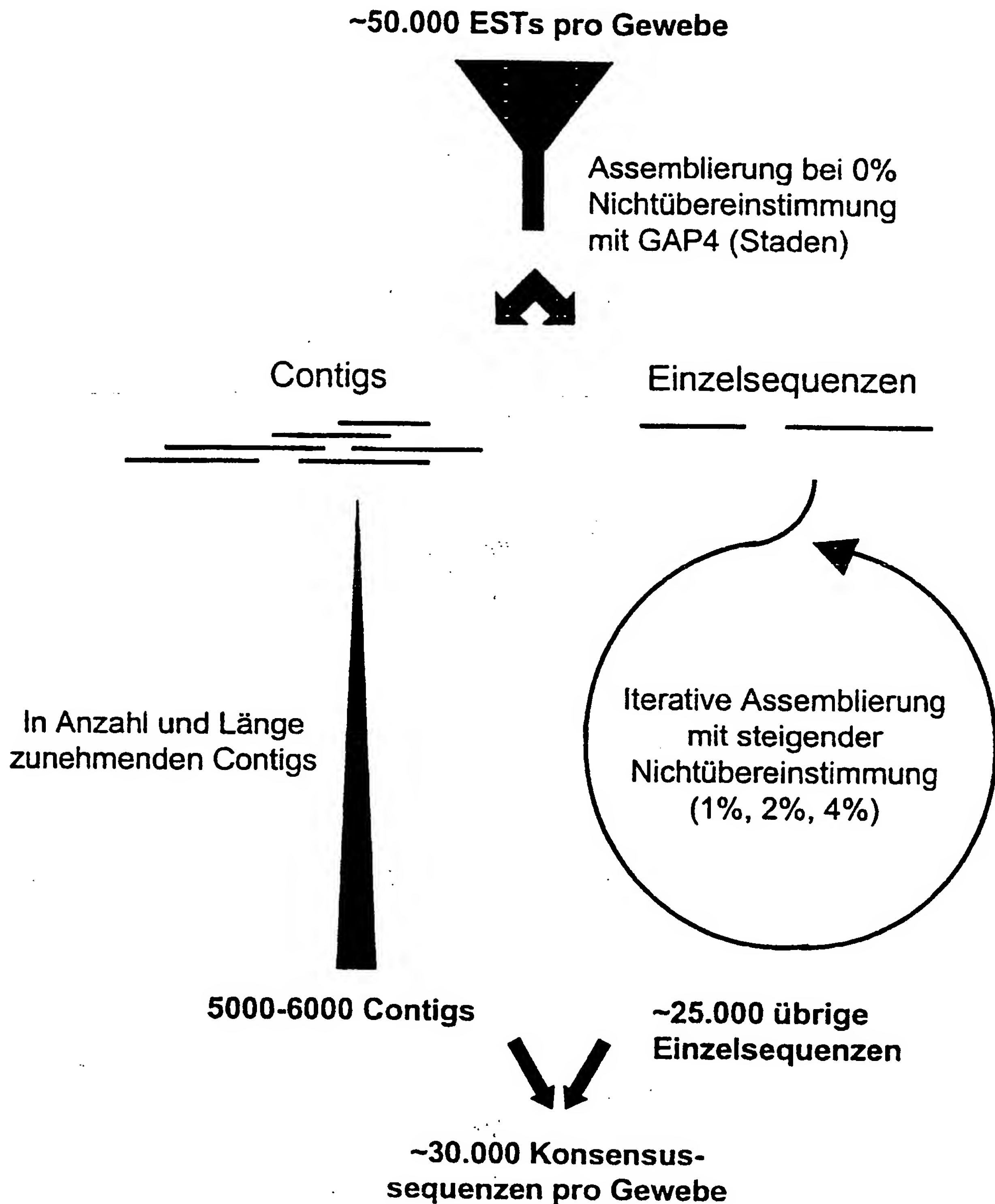


Fig. 2a

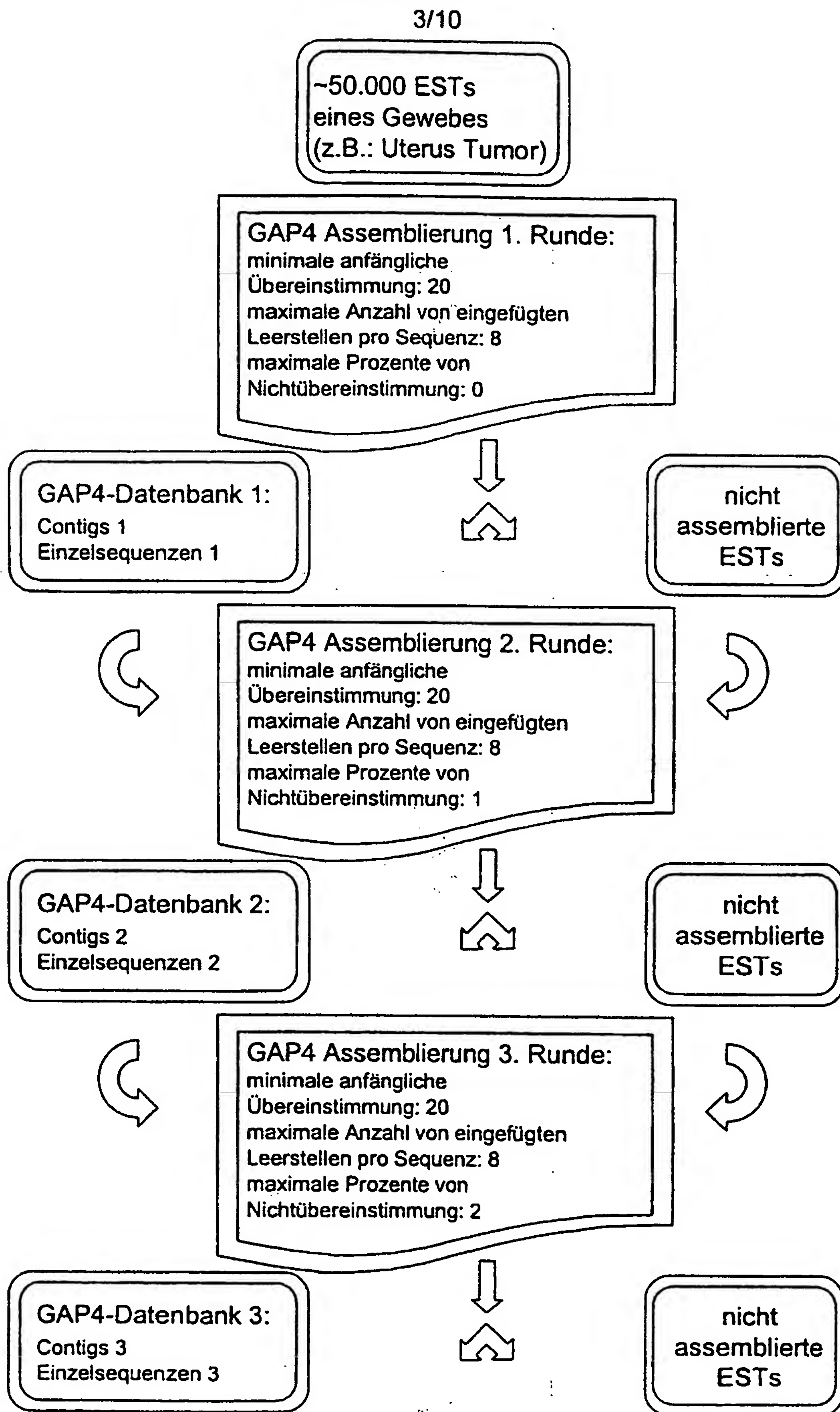


Fig. 2b1

4/10

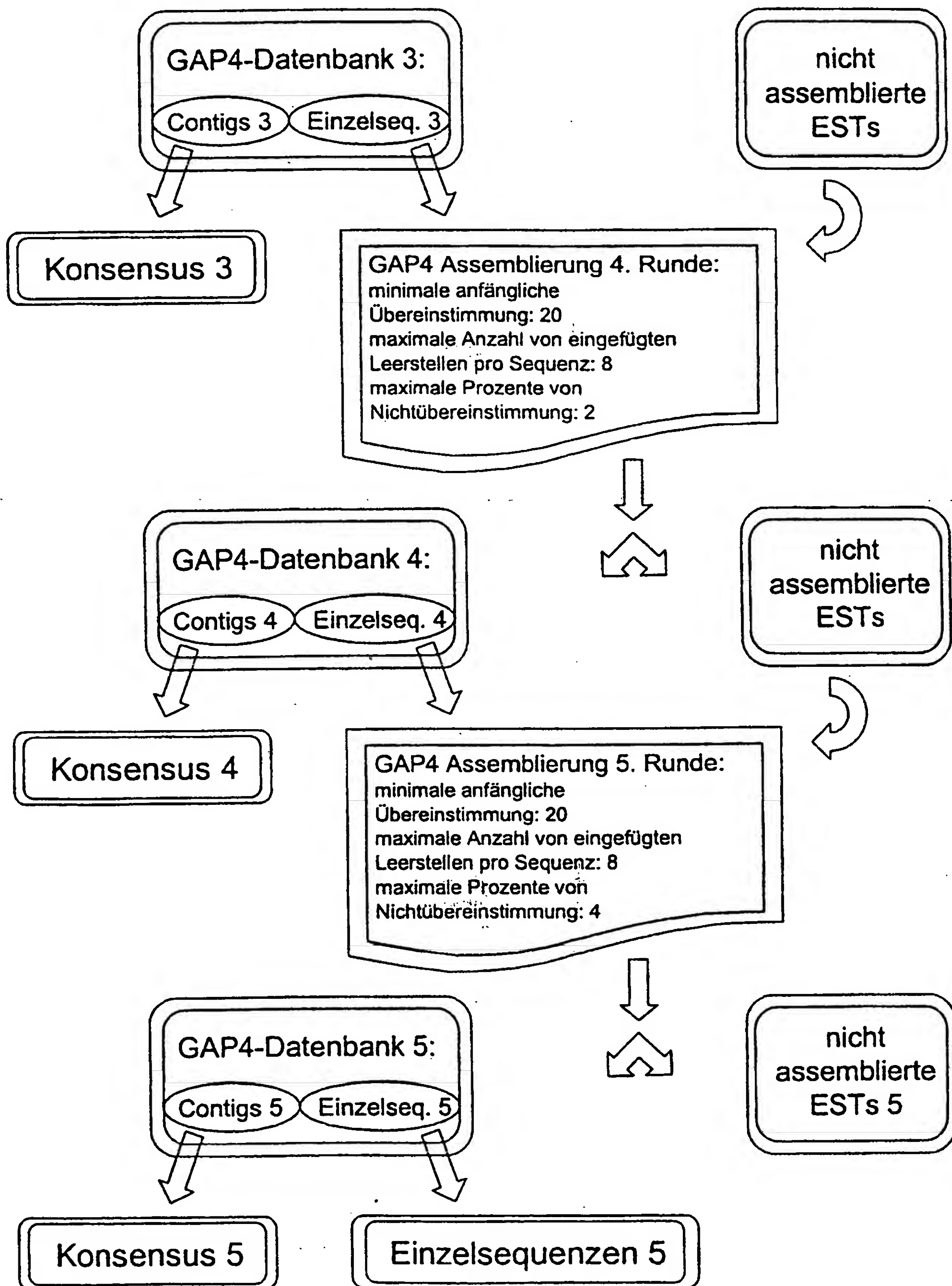


Fig. 2b2

5/10

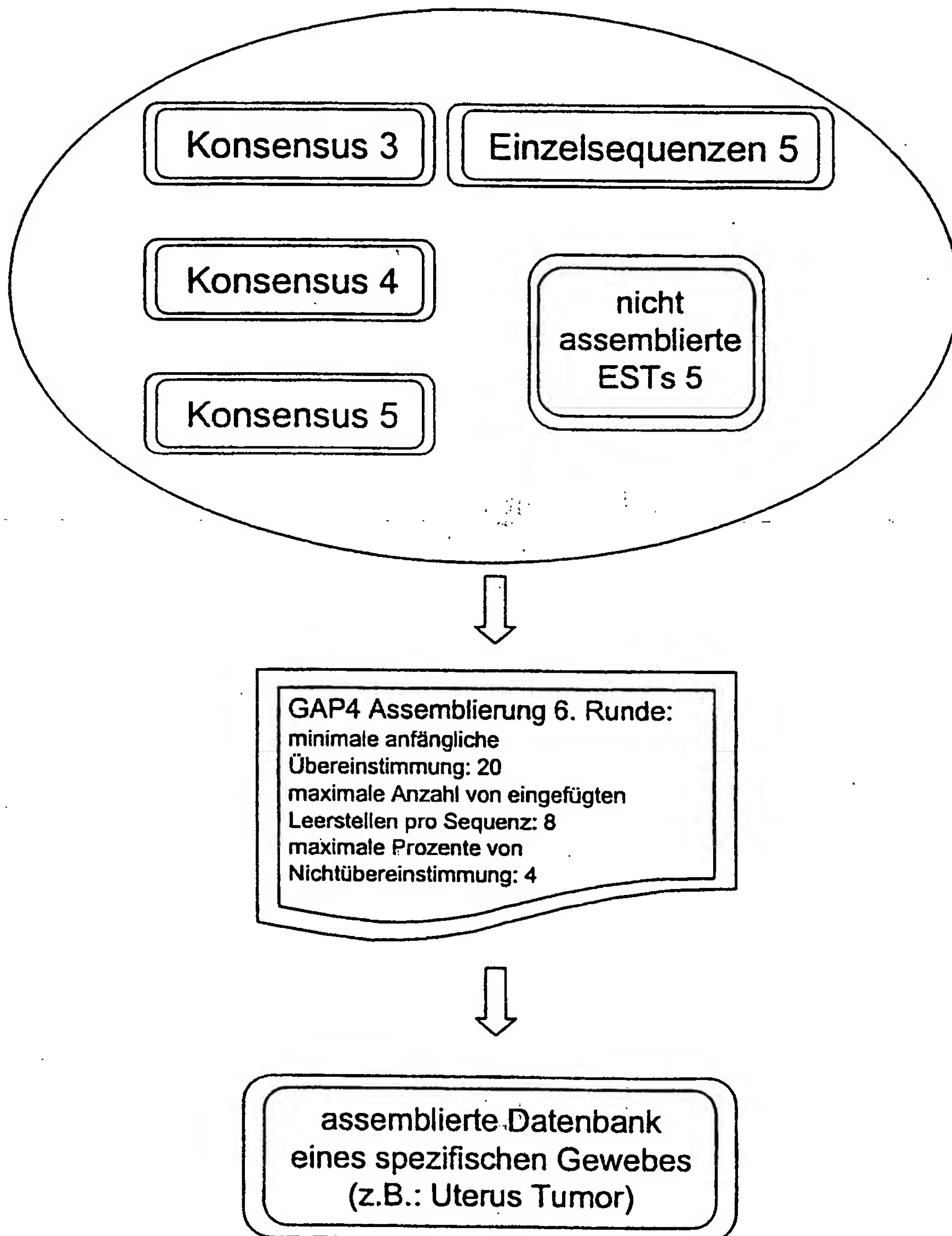


Fig. 2b3

6/10

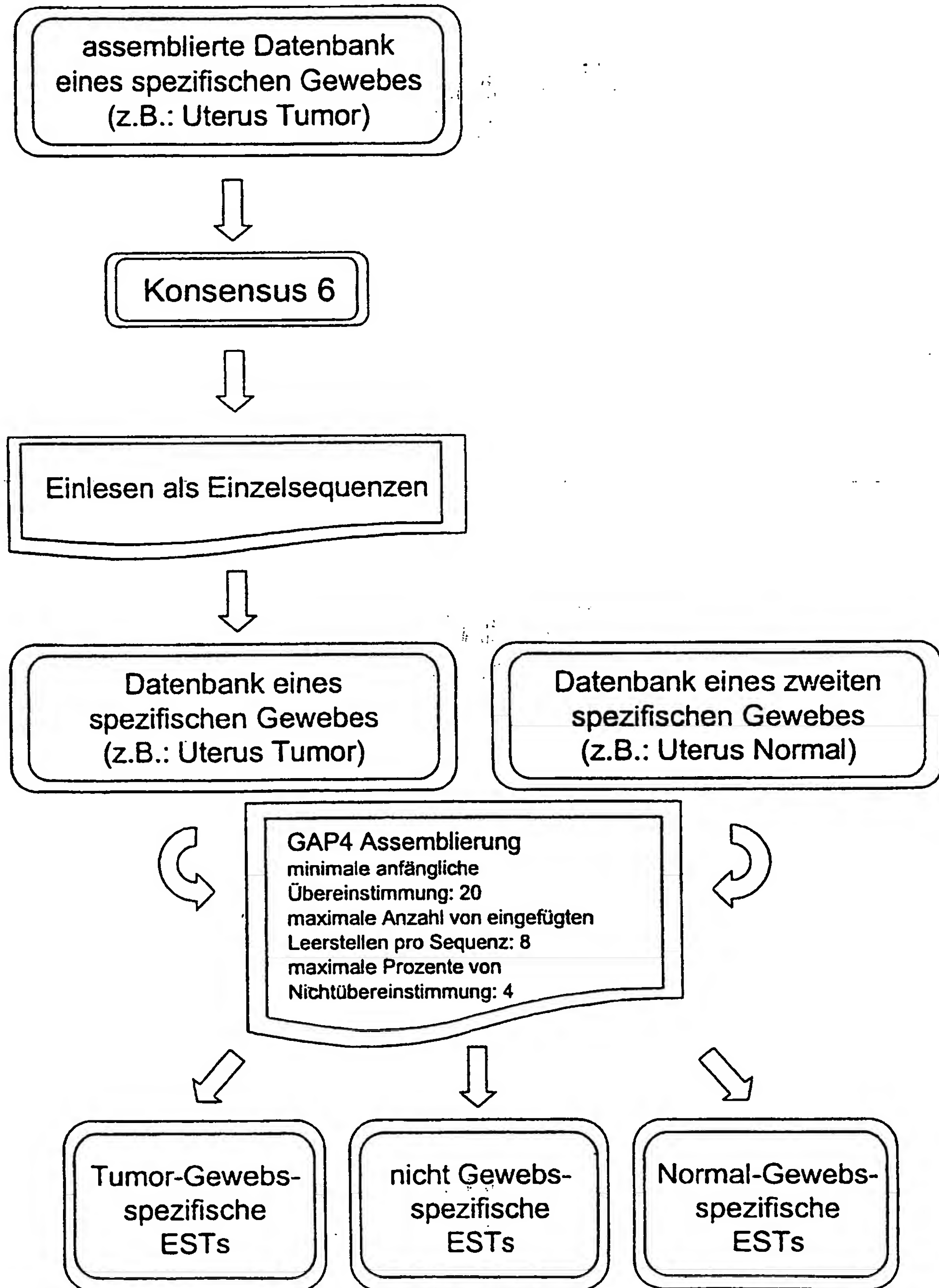


Fig. 2b4

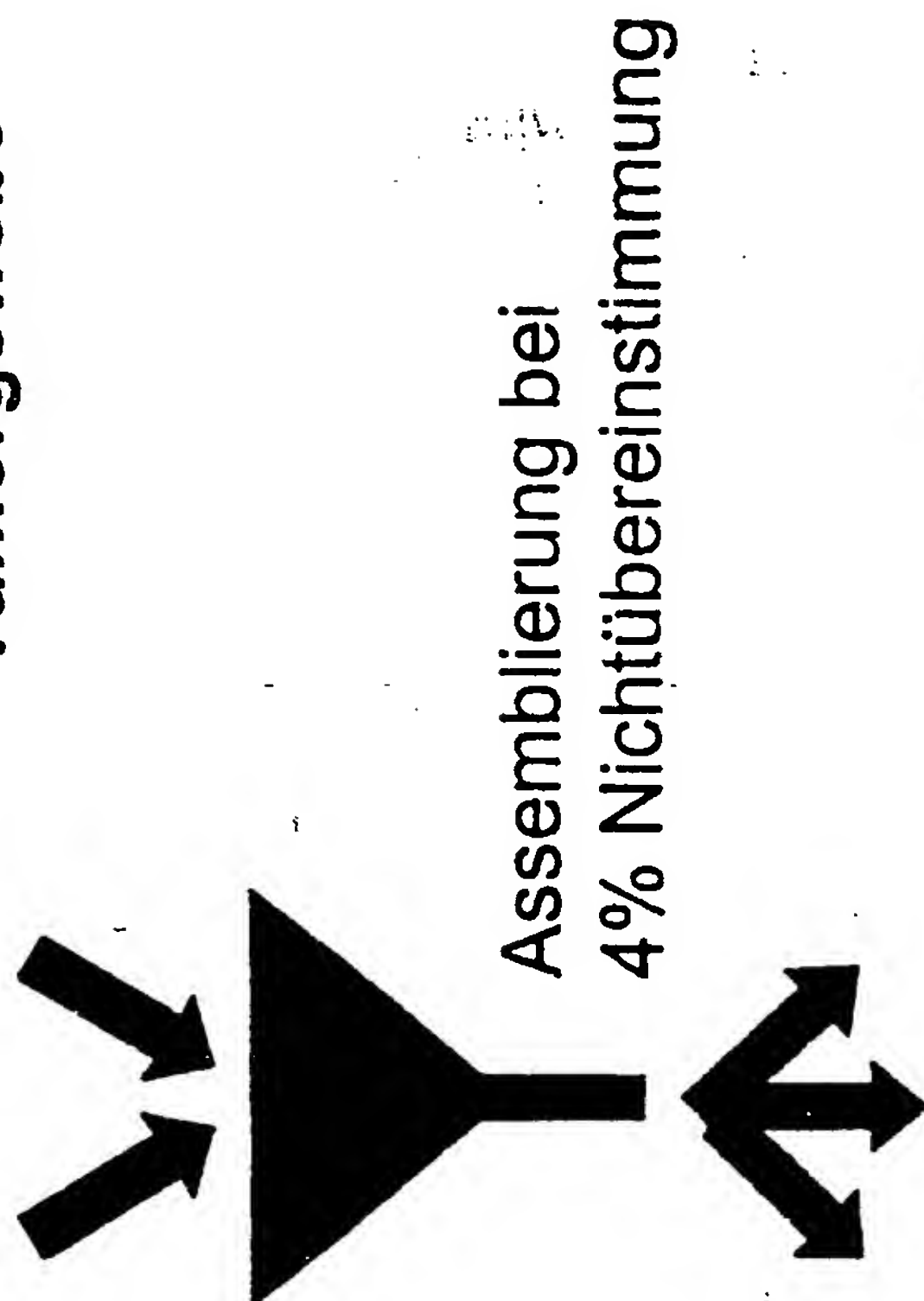
7/10

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen ~30.000 Konsensussequenzen

Normalgewebe

Tumorgewebe



Normalgewebe
Spezifische Gene

Krebsgewebe
Spezifische Gene

In beiden Geweben
exprimierte Gene

Fig. 3

8/10

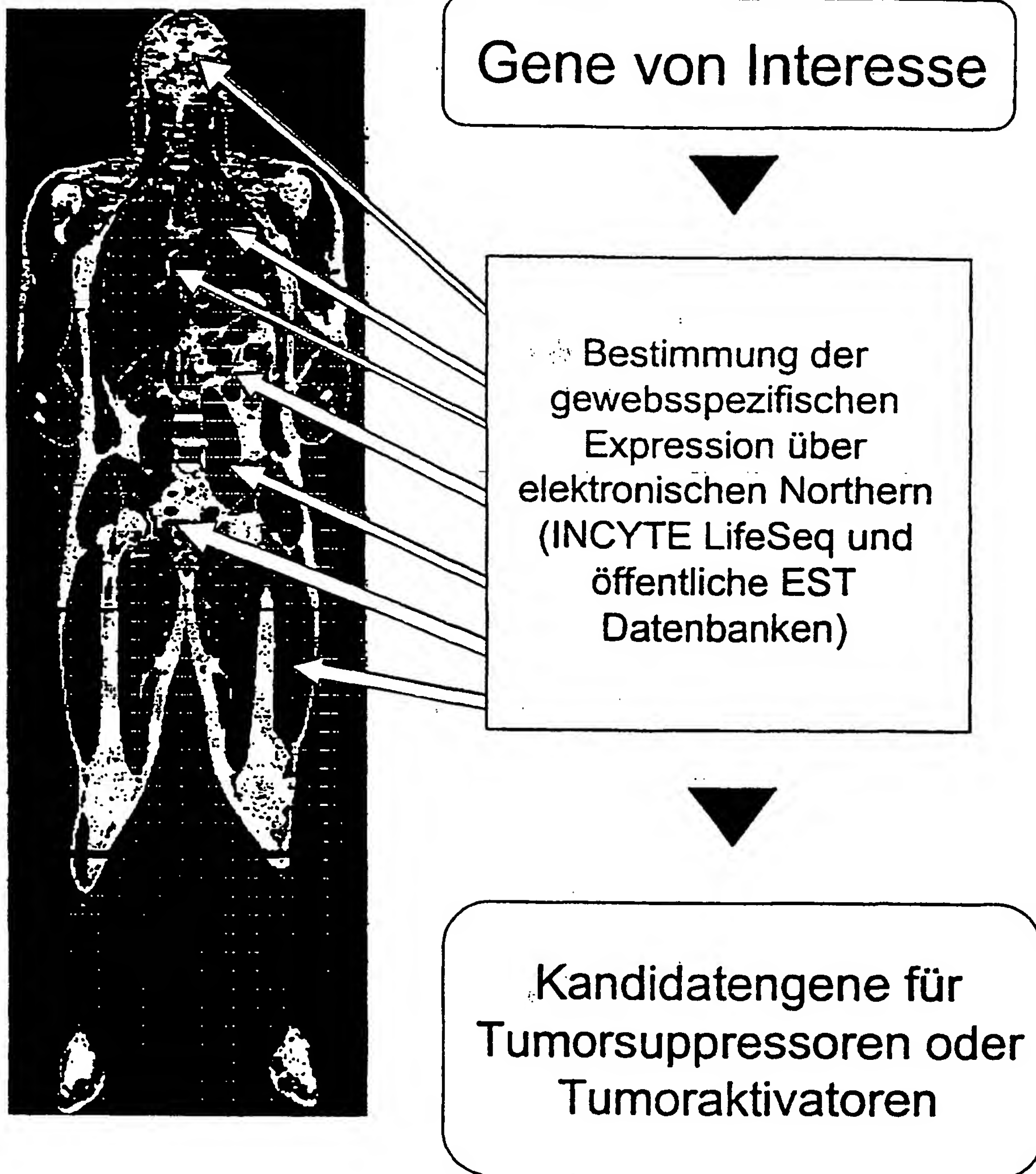


Fig. 4a

9/10

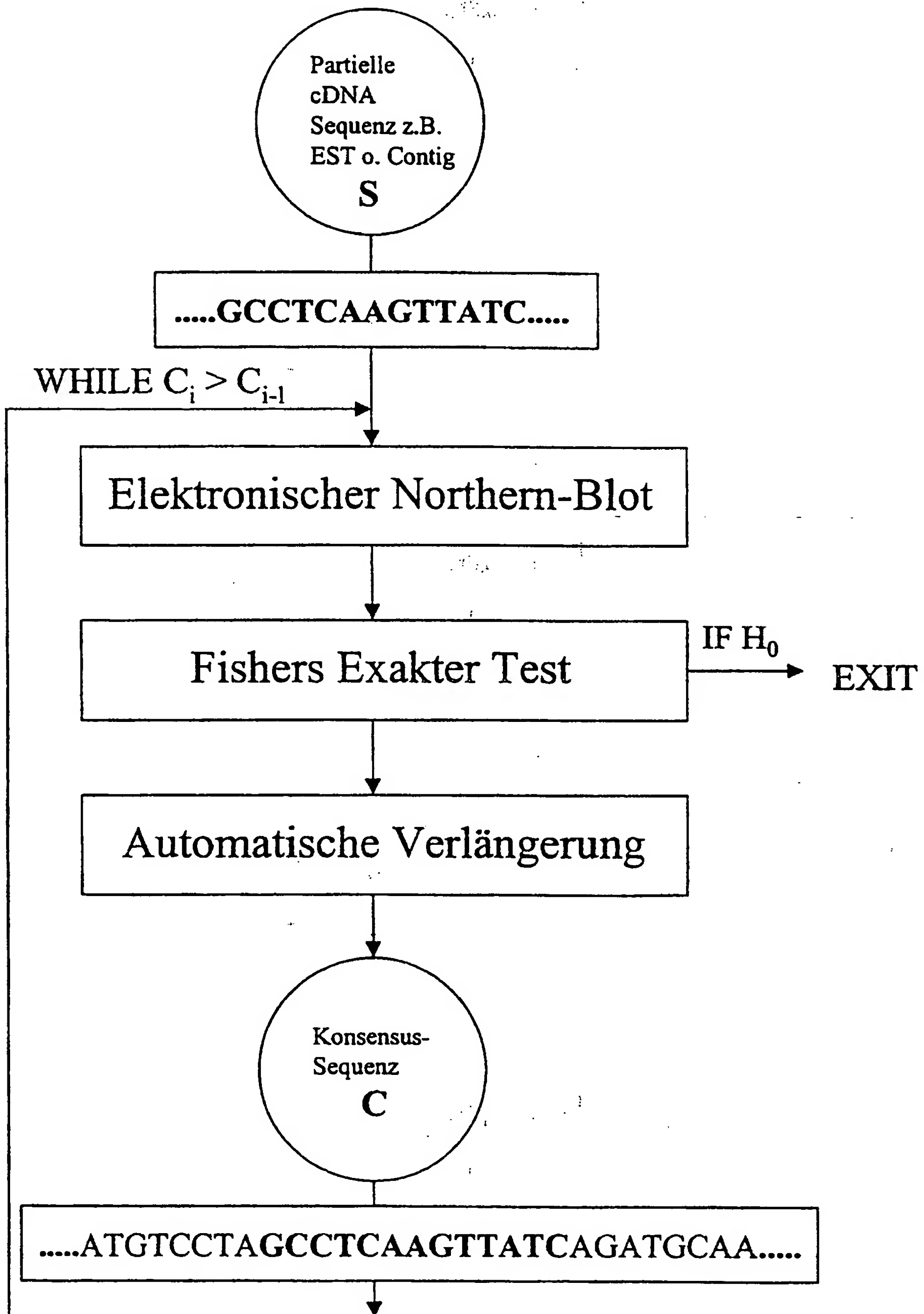


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

PCT
WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<p>(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10</p>	A3	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54461</p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)</p>		
<table style="width: 100%; border: none;"> <tr> <td style="width: 50%; vertical-align: top; padding: 5px;"> <p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01174</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p> </td> <td style="width: 50%; vertical-align: top; padding: 5px;"> <p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i></p> <p>(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 6. Juli 2000 (06.07.00)</p> </td> </tr> </table>			<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01174</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>	<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i></p> <p>(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 6. Juli 2000 (06.07.00)</p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01174</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>	<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i></p> <p>(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 6. Juli 2000 (06.07.00)</p>			
<p>(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF ENDOMETRIUM TUMOUR TISSUE</p> <p>(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS ENDOMETRIUMTUMORGEWEBE</p> <p>(57) Abstract</p> <p>The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of endometrium tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.</p> <p>(57) Zusammenfassung</p> <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>				

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/DE 99/01174

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 A61K38/17 G01N33/68
C12Q1/68 C12N15/62 A61K48/00 C12N5/10 C12N15/70
C12N15/79 C12N15/10

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K A61K G01N C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	ADAMS M.D. ET AL.: "EST41316 Endometrial tumor Homo sapiens cDNA 5' end." EMBL ACCESSION NO. AA336687, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127129 the whole document	1,5-10, 15,38
X	ADAMS M.D. ET AL.: "EST41427 Endometrial tumor Homo sapiens cDNA 5' end." EMBL ACCESSION NO. AA336787, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127130 the whole document --- -/-	1,5-10, 15,38

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☐ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- *&* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

11 January 2000

Date of mailing of the international search report

12.04.00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Hix, R

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern: al Application No

PCT/DE 99/01174

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	E. STRUNCK ET AL.: "Basement membrane regulates gene expression in HEC1B(L) Endometrial adenocarcinoma cells." BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS., vol. 221, no. 2, 1996, pages 346-350, XP002127131 the whole document	1-24, 26-34, 36-38
Y	TO HOA THAI ET AL.: "Mutations in the BRCA1-associated RING domain (BARD1) gene in primary breast, ovarian and uterine cancers." HUMAN MOLECULAR GENETICS, vol. 7, no. 2, 1998, pages 195-202, XP002127132 the whole document	1-24, 26-34, 36-38
Y	M.F. ARLT ET AL.: "Frequent deletion of chromosome 1p sequences in an aggressive histologic subtype of endometrial cancer." HUMAN MOLECULAR GENETICS, vol. 5, no. 7, 1996, pages 1017-1021, XP002127133 the whole document	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	MAHMOOD MANAVI, M.D. ET AL.: "Amplification and expression of the c-erbB-2 oncogene in Müllerian-derived Genital-tract tumors." GYNECOLOGIC ONCOLOGY, vol. 71, no. 2, November 1998 (1998-11), pages 165-171, XP002127134 the whole document	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	A. KOUL ET AL.: "A somatic BRCA2 mutation in RER+ endometrial carcinomas that specifically deletes the amino-terminal transactivation domain" GENES, CHROMOSOMES & CANCER, vol. 24, no. 3, March 1999 (1999-03), pages 207-212, XP002127135 the whole document	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	M. SAKATA ET AL.: "Messenger RNA differential display reverse-transcriptase-polymerase-chain-reaction analysis of a progesterone-suppressive gene in a human endometrial-cancer cell line." INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER, vol. 78, no. 1, 25 September 1998 (1998-09-25), pages 125-129, XP002127136 the whole document	1-24, 26-34, 36-38

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01174

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: 25, 35
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
See supplementary sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

IN PART : 1-24, 26-34, 36-38

Remark on Protest

☐

The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.

☐

No protest accompanied the payment of additional search fees.

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

1. Claims : in part : Nos. 1-24, 26-34, 36-38

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID No 1, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, in addition to a host cell containing this sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide, antibodies directed against a polypeptide or fragment that is coded by SEQ ID No. 1.

Polypeptide partial sequences relating to SEQ ID No 142, 143, 144 (table II) and the uses thereof. Medicament containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID No. 142, 143, 144.

Inventions 2-150 : Claims : in part : Nos. 1-24, 26-34, 36-38

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID No 2-126, 531-555, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, in addition to a host cell containing this sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibodies directed against a polypeptide or fragment that is coded by SEQ ID No. 2-126, 531-555. Polypeptide partial sequences relating to SEQ ID No 145-528, 561-635 (table II and the uses thereof. Medicament containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID No. 145-528, 561-635.

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

Continuation of Box I.2.

Claims Nos. 25,35

Claim No. 25 relates to a polypeptide characterized by a desirable quality of property, i.e. the ability to bond to a polypeptide partial sequence according to Claim No. 23. The claims therefore include all polypeptides that exhibit this quality or property, while the patent application is not provided with appropriate support from the description as indicated in Article 5 PCT. The patent application lacks the required disclosure to such an extent that a meaningful search encompassing the entire scope of protection sought seems impossible. For this reason, the polypeptides to which claim is laid in Claim No. 25 were not searched.

Claim No. 35 relates to a disproportionately large number of possible products that are neither supported by the description according to the terms of PCT Article 6 nor able to be considered disclosed under the terms of PCT Article 5. In the present case, the patent claims lack the appropriate support and the patent application lacks the required disclosure to such an extent that a meaningful search encompassing the entire scope of protection sought seems impossible. No search was therefore carried out for said products.

The applicant is reminded that claims or parts of claims relating to inventions in respect of which no search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). The EPO, in its capacity as the authority entrusted with the internal preliminary examination, does not as a general rule conduct a preliminary examination of subject matter for which no search report is available. This also applies to the case where the patent claims were amended after receipt of the international search report (PCT Article 19) or to the case where the applicant provides new patent claims pursuant to the procedure mentioned in PCT Chapter II.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01174

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 A61K38/17 G01N33/68
C12Q1/68 C12N15/62 A61K48/00 C12N5/10 C12N15/70
C12N15/79 C12N15/10

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K A61K G01N C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	ADAMS M.D. ET AL.: "EST41316 Endometrial tumor Homo sapiens cDNA 5' end." EMBL ACCESSION NO. AA336687, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127129 das ganze Dokument	1,5-10, 15,38
X	ADAMS M.D. ET AL.: "EST41427 Endometrial tumor Homo sapiens cDNA 5' end." EMBL ACCESSION NO. AA336787, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127130 das ganze Dokument	1,5-10, 15,38



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

- *A* Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist
- *E* älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist
- *L* Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)
- *O* Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht
- *P* Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

T Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

Y Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

g Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

11. Januar 2000

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

12. 04. 00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Hix, R

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	E. STRUNCK ET AL.: "Basement membrane regulates gene expression in HEC1B(L) Endometrial adenocarcinoma cells." BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS., Bd. 221, Nr. 2, 1996, Seiten 346-350, XP002127131 das ganze Dokument ---	1-24, 26-34, 36-38
Y	TO HOA THAI ET AL.: "Mutations in the BRCA1-associated RING domain (BARD1) gene in primary breast, ovarian and uterine cancers." HUMAN MOLECULAR GENETICS, Bd. 7, Nr. 2, 1998, Seiten 195-202, XP002127132 das ganze Dokument ---	1-24, 26-34, 36-38
Y	M.F. ARLT ET AL.: "Frequent deletion of chromosome 1p sequences in an aggressive histologic subtype of endometrial cancer." HUMAN MOLECULAR GENETICS, Bd. 5, Nr. 7, 1996, Seiten 1017-1021, XP002127133 das ganze Dokument ---	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	MAHMOOD MANAVI, M.D. ET AL.: "Amplification and expression of the c-erbB-2 oncogene in Müllerian-derived Genital-tract tumors." GYNECOLOGIC ONCOLOGY, Bd. 71, Nr. 2, November 1998 (1998-11), Seiten 165-171, XP002127134 das ganze Dokument ---	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	A. KOUL ET AL.: "A somatic BRCA2 mutation in RER+ endometrial carcinomas that specifically deletes the amino-terminal transactivation domain" GENES, CHROMOSOMES & CANCER, Bd. 24, Nr. 3, März 1999 (1999-03), Seiten 207-212, XP002127135 das ganze Dokument ---	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	M. SAKATA ET AL.: "Messenger RNA differential display reverse-transcriptase-polymerase-chain-reaction analysis of a progesterone-suppressive gene in a human endometrial-cancer cell line." INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER, Bd. 78, Nr. 1, 25. September 1998 (1998-09-25), Seiten 125-129, XP002127136 das ganze Dokument -----	1-24, 26-34, 36-38

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/ 01174

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. ☒ Ansprüche Nr. 25, 35
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210

3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

TEILWEISE : 1-24, 26-34, 36-38

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.

☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: teilweise : 1-24, 26-34, 36-38

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID No 1, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptides.

Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID No. 1 kodiert wird.

Polypeptidteilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID No. 142, 143, 144 (Tabelle II) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID No. 142, 143, 144.

Erfindungen 2-150: Ansprüche: teilweise : 1-24, 26-34, 36-38

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID No 2-126, 531-555, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptides. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID No. 2-126, 531-555, kodiert wird. Polypeptidteilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID No. 145-528, 561-635 (Tabelle II) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID No. 145-528, 561-635.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld 1.2

Ansprüche Nr.: 25, 35

Der geltende Patentanspruch 25 bezieht sich auf ein Polypeptid, charakterisiert durch eine erstrebenswerte Eigenheit oder Eigenschaft, nämlich die Fähigkeit an eine Polypeptid-Teilsequenz gemäss Anspruch 23 zu binden. Die Patentansprüche umfassen daher alle Polypeptide, die diese Eigenheit oder Eigenschaft aufweisen, wohingegen die Patentanmeldung keine Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT für solch eine entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Masse, dass eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Patentansprüchen auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihnen versucht wird, das Polypeptid über das jeweils erstrebte Ergebnis sinnvolle Recherche für die in Anspruch 25 beanspruchten Polypeptide ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 35 bezieht sich auf eine unverhältnismässig grosse Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und/oder noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offerbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Masse, dass eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentansprüche vorlegt.